

**HELISSON FAORO**

**DETERMINAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DE ARCHAEA E  
BACTERIA DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-graduação em Bioquímica da Universidade Federal do Paraná como requerimento parcial para a obtenção do grau de Mestre em Ciências-Bioquímica.

Orientador: Prof. Fábio de Oliveira Pedrosa

Co-Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Liu Un Rigo

**CURITIBA**

**2006**

*À minha avó Josefina  
e à minha tia Olinda*

## **AGRADECIMENTOS**

Aos orientadores Prof. Fábio de Oliveira Pedrosa e Prof. Liu Un Rigo pela confiança depositada em mim, pela oportunidade de realizar esse trabalho e principalmente pela orientação e amizade, que vem desde 2001 quando ingressei na Iniciação Científica.

Aos Professores Emanuel Maltempi de Souza, Leonardo Magalhães Cruz e Ricardo Lehtomen pela leitura e correção desta tese.

Às Professoras Maria Berenice Steffens, Leda Chubatsu e Roseli Wassem e ao Professor Emanuel Maltempi de Souza pela ajuda e sugestões.

À Professora Rose Adele Monteiro pela atenção e auxílio em muitas etapas desse trabalho.

Ao Professor Leonardo Magalhães Cruz pelo auxílio na Bioinformática e filogenia.

À Coordenação do curso de Pós-Graduação em Bioquímica e Biologia Molecular.

Ao CNPq pelo auxílio financeiro.

Ao Dr. Salah Al Janibe e ao Valter Baura pela amizade e auxílio na coleta dos solos e em várias outras etapas que ajudaram a concretizar esse trabalho.

À Roseli Prado e à Dona Julieta pela alegria e carinho de mãe com que sempre me trataram, fundamentais em muitas horas difíceis.

Ao pessoal do grupo de discussão de biodiversidade, Giovani, Giovana e o Prof. Leonardo, pelo aprendizado que muito contribuiu para o meu crescimento científico.

Aos amigos do Anexo Karen, Fernanda, Daniela, Patrícia, Marcelo Mueller, Stefan, Ane, Vanessa, Pércio, Gustavo, Michelle Tadra, Marco Antônio, Anelis e Maria Augusta, com quem passei a maior parte do tempo e muitos momentos divertidos.

Aos demais colegas de laboratório Lílian, Ana Cláudia, Luíza, Luciano, Marcelo Assunção, Carolina, Magda, André Dedecek, Juliana Inaba, Adriana, Fabiane e Marco Aurélio pela amizade.

À galera do basquete André Luis, Rafael, Ricardo, Eliel, Marcelinho e Rodrigo Faria pela amizade e ótimos jogos.

Aos meus amigos Leandro Adiers, Marlon Ribeiro e Vander Faria pelos momentos agradáveis e descontraídos que passamos e pelos mais de 20 anos de amizade.

A Lysangela pelo amor, carinho e compreensão. Sem você tudo seria mais difícil.

Ao meu pai Helio Faoro, à minha mãe Ana Carneiro Faoro e à minha irmã Mariana Faoro pelo incentivo, amor e atenção dedicados em todos os momentos. Mesmo não podendo estar com vocês todos os dias, tudo o que fiz foi por vocês.

## SUMÁRIO

<b>AGRADECIMENTOS</b>	<b>iv</b>
<b>LISTA DE TABELAS</b>	<b>viii</b>
<b>LISTA DE FIGURAS</b>	<b>ix</b>
<b>LISTA DE ABREVIATURAS</b>	<b>x</b>
<b>RESUMO</b>	<b>xi</b>
<b>ABSTRACT</b>	<b>xii</b>
<b>1. INDICAÇÃO DO PROBLEMA A SER ABORDADO NA DISSERTAÇÃO</b>	<b>1</b>
<b>2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b>	<b>1</b>
2.1 Mata Atlântica	1
2.2 Microrganismos e solo	3
2.3 Diversidade dos organismos vivos	6
2.4 Métodos moleculares para estudar a diversidade microbiana	12
2.5 Marcadores moleculares	15
2.6 Uso da seqüência 16S rRNA como marcador molecular para inferir filogenia.	16
2.7 Estrutura secundária do 16S rRNA	18
<b>3. OBJETIVOS</b>	<b>21</b>
3.1 Objetivos gerais	21
3.2 Objetivos específicos	21
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>22</b>
4.1 Microrganismos e plasmídeo	22
4.2 Coleta das amostras de solo da Mata Atlântica Paranaense	22
4.3 Manipulação de DNA	23
4.3.1 Extração de DNA total do solo	23
4.3.2 Amplificação do gene 16S rDNA	23
4.3.3 Clonagem do gene 16S rDNA	26
4.4 Construção da biblioteca gênica de 16S rDNA	26
4.4.1 Preparo de células eletrocompetentes	26
4.4.2 Transformação bacteriana	27
4.4.3 Coleta de clones transformantes	27
4.5 Purificação de DNA plasmidial em placas de 96 poços	27
4.6 Seqüenciamento de DNA plasmidial	28

4.6.1 Iniciadores usados para o seqüenciamento do gene 16S rDNA	29
4.7 Análise das seqüências de DNA	31
4.7 Análise das seqüências de DNA	32
4.7.1 Montagem das seqüências consenso (contigs)	32
4.7.2 Comparação das seqüências com banco de dados	34
4.8 Cálculo do índice de diversidade Shannon-Weaver (H)	35
<b>5. RESULTADOS</b>	<b>37</b>
5.1 Coleta das amostras de solo de Mata Atlântica	37
5.2 Extração do DNA total das amostras de solo	41
5.3 Amplificação do gene 16S rDNA das amostras de solo	44
5.4 Construção da biblioteca de 16S rDNA	49
5.5 Sequenciamento parcial dos clones contendo o inserto de 16S rDNA	49
5.6 Comparação dos contigs reconstituídos com o banco de dados RDP II	54
5.7 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca 27F1492R com o banco de dados RDP II pelo do programa <i>Classifier</i>	55
5.8 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca 27F1492R com o banco de dados RDP II pelo do programa <i>Sequence Match</i>	60
5.9 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca Y1Y3 com o banco de dados RDP II	67
5.10 Determinação do índice de diversidade Shannon-Weaver para as amostras de solo	71
<b>6. DISCUSSÃO</b>	<b>74</b>
6.1 Biodiversidade bacteriana do solo de Mata Atlântica	74
6.2 Implicações nas estratégias de conservação	77
<b>7. CONCLUSÕES</b>	<b>79</b>
<b>8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	<b>80</b>
<b>9. APÊNDICES</b>	<b>91</b>

## LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - ABUNDÂNCIA DE CÉLULAS MICROBIANAS ASSOCIADAS A DIFERENTES TIPOS DE SOLOS .....	5
TABELA 2 - INICIADORES UTILIZADOS PARA AMPLIFICAÇÃO DO GENE 16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO .....	25
TABELA 3 - INICIADORES USADOS PARA O SEQUENCIAMENTO DO GENE 16S rDNA.....	30
TABELA 4 - COORDENADAS DOS PONTOS DE COLETA .....	39
TABELA 5 - CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DAS AMOSTRAS DE SOLO COLETADAS .....	40
TABELA 6 - PLACAS DE CLONES TRANSFORMANTES SELECIONADAS PARA SEQUENCIAMENTO .....	52
TABELA 7 - NÚMERO E TAMANHO MÉDIO DOS CONTIGS RECUPERADOS DA BIBLIOTECA 27R1492R .....	53
TABELA 8 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE, BIBLIOTECA 27F1492R, COM O PROGRAMA CLASSIFIER .....	57
TABELA 9 - SEQÜÊNCIAS QUE OBTIVERAM OS MAIORES ÍNDICES DE CONFIABILIDADE NA COMPARAÇÃO PELO PROGRAMA CLASSIFIER .....	59
TABELA 10 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE, BIBLIOTECA 27F1492R, COM O PROGRAMA SEQUENCE MATCH.....	62
TABELA 11 - SEQÜÊNCIAS QUE OBTIVERAM OS MAIORES ÍNDICES DE SIMILARIDADE .....	65
TABELA 12 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE IDENTIFICADOS NA BIBLIOTECA Y1Y3.....	68
TABELA 13 - COMPARAÇÃO ENTRE OS RESULTADOS OBTIDOS COM O PROGRAMA SEQUENCE MATCH PARA A AMOSTRA MA03 DAS BIBLIOTECAS 27F1492R E Y1Y3.....	70
TABELA 14 - ÍNDICES DE DIVERSIDADE SHANNON-WEAVER (H) E DISTRIBUIÇÃO DAS ESPÉCIES (E) .....	73

## LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - CLASSIFICAÇÃO FILOGENÉTICA UNIVERSAL DOS SERES VIVOS PROPOSTA POR CARL WOESE et al (1990). .....	8
FIGURA 2 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR WOESE (1987) .....	9
FIGURA 3 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR HUNGENHOLTZ et al (1998b) .....	10
FIGURA 4 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR RAAPE E GIOVANNONI (2003).....	11
FIGURA 5 - METODOLOGIAS PARA ANÁLISE DE COMUNIDADES MICROBIANAS (ADAPTADO DE KOZDRÓJ E VAN ELSAS, 2001).....	14
FIGURA 6 - MODELO DA ESTRUTURA SECUNDÁRIA DO 16S E 18S rRNA. ....	19
FIGURA 7 – MAPA DE SUBSTITUIÇÃO NUCLEOTÍDICA DO 16S rRNA PROPOSTO POR VAN DER PEER et al (1996).....	20
FIGURA 8 - REGIÃO DO 16S rRNA COMPREENDIDA ENTRE OS INICIADORES Y1 E Y2 INDICANDO O GRAU DE CONSERVAÇÃO DE CADA BASE .....	31
FIGURA 9 – EXTRAÇÃO DE DNA DAS AMOSTRAS DE SOLO DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE .....	42
FIGURA 10 – FAIXA DE FRAGMENTAÇÃO DO DNA DE SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE .....	43
FIGURA 11 - INIBIÇÃO DA TAQ DNA POLIMERASE PELA SOLUÇÃO DE DNA DO SOLO .....	46
FIGURA 12 – AMPLIFICAÇÃO DO GENE 16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO COM OS INICIADORES Y1-Y3 .....	47
FIGURA 13 – AMPLIFICAÇÃO DO GENE 16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO COM OS INICIADORES 24F-1492R .....	48
FIGURA 14 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQÜÊNCIAS ANÁLISADAS PELO PROGRAMA CLASSIFIER EM RELAÇÃO À % DE CONFIABILIDADE EM NÍVEL DE GÊNERO. ....	58
FIGURA 15 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQUENCIAS ANALISADAS PELO PROGRAMA SEQUENCE MATCH EM RELAÇÃO À SIMILARIDADE ENCONTRADA NO BANCO DE DADOS. ....	63
FIGURA 16 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQÜÊNCIAS EM RELAÇÃO À SIMILARIDADE ENCONTRADA NO BANCO DE DADOS. ....	69



## LISTA DE ABREVIATURAS

16S rRNA – *16S ribosomal Ribonucleic Acid*  
16S rDNA – *16S ribosomal Deoxyribonucleic Acid*  
ATP – adenosina trifosfato  
ARDRA – *Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis*  
pb – pares de bases  
DGGE – *Denaturing Gradient Gel Electrophoresis*  
dATP – deoxiadenosina trifosfato  
dCTP – deoxicitosina trifosfato  
dGTP – deoxiguanidina trifosfato  
dTTP – deoxitimidina trifosfato  
DNA – *Deoxyribonucleic Acid*  
D. O. – Densidade Óptica  
DTT - Ditionietreitol  
EDTA – *Ethylene Diamine Acid*  
FAME – *Fatty Acid Methyl Ester*  
GPS – *Global Positioning System*  
kb – kilo base  
KoAc – Acetato de potássio  
PCR – *Polymerase Chain Reaction*  
PLFA – *Phospholipid fatty acids*  
RAPD – *Random Amplified Polymorphic DNA*  
RDP II – *Ribosomal Database Project II*  
RISA – *rRNA Intergenic Spacer Analysis*  
rpm – rotações por minuto  
SSCP – *Single Strand conformational Polymorphism*  
SDS – *Sodium Dodecyl Sulfate*  
TGGE – *Temperature Gradient Gel Electrophoresis*

## RESUMO

A Mata Atlântica brasileira é uma dos 25 centros de maior biodiversidade do mundo. A fração de floresta localizado no estado do Paraná é a mais conservada do país com 100% de sua área atual protegida por lei. Muito se conhece sobre a diversidade de sua fauna e flora, mas pouco se conhece acerca da sua diversidade bacteriana. Esse trabalho representa a primeira descrição da diversidade bacteriana de solos da Mata Atlântica através de métodos moleculares independentes de cultivo. Para tanto 10 amostras de solo, denominadas MA01 a MA10, foram coletadas ao longo da estrada da Graciosa, que atravessa a porção mais conservada da floresta. O DNA total dessas amostras foi extraído e usado como molde em uma reação de PCR com iniciadores universais para o gene 16S rDNA de Bacteria e Archaea. O produto de PCR amplificado foi clonado no vetor pGEM-T e a sequência dos genes 16S rDNAs foi determinada através do sequenciamento. A comparação das sequências de 754 clones com o banco de dados de 16S rRNA do RDP II indicou predominância do filo Acidobacteria nas amostras de solo com 49% das sequências. O segundo filo com mais representantes foi o das Proteobactéria com 26% das sequências. Representantes dos filos de bactérias termofílicas Thermomicrobia e Thermotogae, e dos filos candidatos OP10, também termofílico, e SPAM também foram encontrados. Além disso, 14% das sequências não apresentaram similaridade com sequências de 16S rDNA de bactérias conhecidas e não foram classificadas. O sequenciamento do gene 16S rDNA também permitiu a identificação de bactérias com potencial aplicação no campo da biotecnologia. O índice de diversidade Shannon-Weaver foi calculado para as dez amostras de solo individualmente atingindo um máximo de 4,12 na amostra MA02 e um mínimo de 3,57 na amostra MA08. A amostra MA01 apresentou a maior riqueza de espécies, onde 77 sequências estavam distribuídos entre 67 espécies (95% de similaridade entre sequências diferentes). Nenhuma sequência de espécies do domínio Archaea foi encontrado.

## ABSTRACT

Brazilian Atlantic Forest is one of the 25 biodiversity hot-spots in the world. The forest portion located in Paraná state is the most conserved in Brazil with 100% of its area protected by laws. Much is known about the diversity of its fauna and flora, but little is known concerning its microbial diversity. This work represents the first soil microbe diversity description of the Atlantic forest using culture-independent molecular approach. Ten samples of soils, named MA01 to MA10, were collected along the Graciosa Road that crosses a conserved portion of the forest. The total DNA of these samples was extracted and used as template in PCR reactions using a 16S rDNA universal primers for Bacteria and Archaea. The PCR amplification products were cloned into pGEM-T vector and the diversity of 16S rRNAs was determined through the partial sequencing. The comparison of the 754 clones sequences with the RDP II database of 16S rRNA indicated predominance of phylum Acidobacteria in the soil samples with 49%. The second more representative phylum found was of the Proteobacteria with 26% of the sequences. Representatives of thermophilic bacteria phylum Thermomicrobia and Thermotogae, and candidates phylum OP10, also thermophilic, and SPAM were also found. Moreover, 14% of the sequences could not be grouped with sequences of 16S rDNA of known bacteria and they were not been classified. The 16S rDNA gene sequencing also allowed the identification of bacteria with potential application in biotechnology. The Shannon-Weaver diversity index was calculated for the ten soil samples individually reaching a maximum of 4.12 in MA02 sample and a minimum of 3.57 in MA08 sample. The MA01 sample had the highest species richness where 77 sequences were distributed in 67 different species (95% of similarity between sequences). No Archeal representant was found.

## **1. INDICAÇÃO DO PROBLEMA A SER ABORDADO NA DISSERTAÇÃO**

Apesar de intensamente estudada, a diversidade microbiana do solo ainda é muito pouco conhecida. Dados estatísticos indicam que 1g de solo pode conter cerca de 10 bilhões de microrganismos compreendendo milhares de espécies diferentes, a maioria dos domínios Bacteria e Archaea. O problema é que menos de 1% desses microrganismos são conhecidos e podem ser cultivados pelos métodos tradicionais usados em laboratório, sendo que os outros mais de 99% permanecem desconhecidos à Ciência. Uma metodologia que está sendo utilizada na tentativa de solucionar esse problema é a extração de DNA direto de amostras de solo visando a amplificação, clonagem e seqüenciamento de genes marcadores, cujas seqüências possam ser usadas para identificar taxa e suas inter-relações filogenéticas. O gene que codifica para o 16S rRNA, por exemplo, é um gene marcador amplamente utilizado para este propósito.

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1 Mata Atlântica**

A Mata Atlântica brasileira é um dos 25 centros de biodiversidade reconhecidas no mundo. Estes centros são áreas que perderam pelo menos 70% de sua cobertura vegetal original, mas que, juntas, abrigam mais de 60% de todas as espécies terrestres do planeta (MAYERS et al., 2000). Os limites da Mata Atlântica obedecem ao Mapa de Vegetação publicado em 1988 e revisado em 1993 pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Eles incluem as Florestas Ombrófilas Densas e Abertas, que abrangem as matas pluviais montanas, submontanas, de baixada e florestas costeiras em terras baixas e solos arenosos; as florestas Ombrófilas Mistas, que correspondem às matas sulinas com predominâncias de araucárias e lauráceas; e as Florestas Estacionais e Semidecíduas, que abrangem as matas subtropicais dos estados do Sul e as matas decíduas do Nordeste. As temperaturas médias variam de 14-21°C,

chegando a uma temperatura máxima de 35°C e mínima de 1° C embora, no Sul, possa cair até -6° C. Atualmente restam apenas cerca de 7% da cobertura original da floresta, tendo sido inclusive identificada como a quinta área mais ameaçada e rica em espécies endêmicas do mundo (CÂMARA, 2005).

A Serra do Mar abriga os principais remanescentes da Mata Atlântica que recobria a costa leste brasileira, desde o Rio Grande do Norte ao Rio Grande do Sul. A Mata Atlântica paranaense é a porção mais preservada dessa floresta do Brasil e também a maior área de preservação do estado. Tem aproximadamente 500 mil hectares e abriga mais de 2500 espécies vegetais, além de diversos animais ameaçados de extinção, sendo que nesta floresta estão 72% do número de espécies que ocorrem no Paraná. Em 1991, a UNESCO declarou a Serra do Mar como Reserva da Biosfera, elevando a importância da Mata a nível mundial ([www.pr.gov.br](http://www.pr.gov.br)).

Os dados publicados sobre o número de espécies na Mata Atlântica são variáveis. Segundo dados do IBAMA (<http://www.ibama.gov.br/>) na Mata Atlântica existem 1.361 espécies da fauna brasileira, com 261 espécies de mamíferos, 620 de aves, 200 de répteis e 280 de anfíbios, sendo que 567 espécies só ocorrem nesse bioma. Possui, ainda, cerca de 20 mil espécies de plantas vasculares, das quais 8 mil delas só ocorrem na Mata Atlântica. No sul da Bahia foi identificada a maior diversidade de plantas lenhosas do mundo, sendo registradas 454 espécies em um único hectare. Já o Ministério do Meio Ambiente relaciona 20 mil espécies de plantas, 250 de mamíferos, 1020 de aves, 197 de répteis e 340 de anfíbios. Quanto aos invertebrados já foram catalogadas mais de 990.000 espécies. O que esses dados apresentam em comum é uma lacuna em relação à biodiversidade microbiológica presente na Mata Atlântica. Qual a sua extensão? Qual o grau de endemismo? Qual a sua importância na manutenção desse ecossistema? As bactérias e arqueas representam dois terços da vida no planeta e, no entanto, menos de 1% das espécies são conhecidas. Grande parte desta diversidade está nas comunidades microbianas do solo que até pouco tempo atrás eram inacessíveis aos pesquisadores.

## 2.2 Microrganismos e solo

Os solos executam uma grande gama de funções que, direta ou indiretamente, sustentam a população humana do mundo. Eles possuem uma importância vital na produção de alimentos e como reservatórios de água. No aspecto global os solos atuam, por exemplo, estocando grande parte do carbono do planeta (duas vezes mais o que existe na atmosfera), tamponando e filtrando grande parte dos poluentes e também como os principais mediadores dos ciclos biogeoquímicos (O'DONNELL e GÖRRES, 1999).

A estrutura do solo depende da associação entre as partículas minerais (areia, silte e argila) e matéria orgânica, no qual agregados de diferentes tamanhos e estabilidade são formados. A organização estrutural das partículas do solo produz um habitat espacialmente heterogêneo para os microrganismos caracterizados por diferentes substratos, nutrientes, concentração de oxigênio, conteúdo de água e valores de pH (LADD et al., 1996). O estado agregado do solo cria poros na matriz permitindo a existência de ar e água essenciais às suas funções biológicas. SESSISTSCH e colaboradores (2001) demonstraram que não apenas a biomassa, mas também a estrutura da comunidade é significativamente afetada pelo tamanho da partícula do solo e que as frações de argila (0,1 - 2  $\mu\text{m}$ ) e de silte (2 - 63  $\mu\text{m}$ ) possuem a maior diversidade microbiana. Essa estrutura também determina, por exemplo, com que facilidade as plantas poderão extrair água e a taxa de difusão de compostos para dentro e para fora da matriz (YOUNG e CRAWFORD, 2004).

O que distingue o solo de outras formações geológicas é justamente a sua atividade biológica, devido principalmente à diversidade de microrganismos que nele existem (VARGAS e HUNGRIA, 1997). De fato, os microrganismos constituem uma interface biológica com os ambientes físicos e químicos da Terra, seja atuando diretamente em processos como a mineralização da matéria orgânica ou indiretamente, através de simbioses como na fixação de nitrogênio (O'DONNELL e GÖRRES, 1999). Novas atividades microbianas no solo têm sido descobertas gerando novos conceitos nos ciclos do carbono, nitrogênio, ferro,

manganês e permitindo especular a existência de novos ciclos biogeoquímicos como o ciclo do fosfato por exemplo (KELLER e ZENGLER, 2004).

Dependendo dos aspectos geográficos, geológicos, hidrológicos, climáticos, faunístico e florístico e das influências antropogênicas, o solo apresenta propriedades que determinam a sua comunidade microbiana (LIESACK, et al 1997) (Tabela 1).

**TABELA 1- ABUNDÂNCIA DE CÉLULAS MICROBIANAS ASSOCIADAS A DIFERENTES TIPOS DE SOLOS**

<b>FONTE DE DNA</b>	<b>CÉLULAS POR cm<sup>3</sup></b>
Solo de Floresta	$4,8 \times 10^9$
Solo de Floresta (procariotos cultiváveis)	$1,7 \times 10^7$
Solo de Pastagem	$1,8 \times 10^{10}$
Solo Arável	$2,1 \times 10^{10}$
Sedimento Marinho	$3,1 \times 10^9$
Sedimento Marinho (fazenda de peixes)	$7,7 \times 10^9$
Tanque de cristalização de sal (22% salinidade)	$6,0 \times 10^9$

Número de células microbianas por cm<sup>3</sup> em diferentes ambientes. Os dados apresentados são extrapolações de resultados obtidos por microscopia de fluorescência (adaptado de TORSVIK, ØVREÅS e THINGSTAD, 2002a)



## 2.3 Diversidade dos organismos vivos

Seguindo a taxonomia Lineana tradicional, baseada em dados morfológicos e fisiológicos, todas as formas de vida na Terra podem ser classificadas em 5 reinos: *Animalia*, *Plantae*, *Fungi*, *Protista* e *Monera* (WHITTAKER, 1969). Pode-se também dividir a vida em dois tipos fundamentais: aqueles que possuem uma membrana nuclear (eucariotos) e aqueles que não a possuem (procariotos), de modo que a maior diversidade da vida na terra era devida aos Eucariotos, particularmente às suas formas multicelulares (WHITTAKER, 1969). Os procariotos (Reino Monera) eram considerados simples, primitivos e relativamente uniformes em suas características (HUGENHOLTZ e PACE, 1996). Esses sistemas perduraram até 1990 quando Carl Woese utilizou as comparações de seqüências de 16S e 18S rRNA para propor uma nova classificação universal para a grande diversidade de vida na Terra. Pela primeira vez uma proposta completa de classificação foi feita baseada em dados moleculares e não morfológicos (WOESE, KANDLER e WHEELIS, 1990). Os autores propuseram a criação de um novo nível taxonômico, denominado Domínio, sendo a vida no planeta dividida em três Domínios: Bacteria, Archaea e Eucarya (Figura 1), já que o sistema de 5 Reinos era insuficiente e não refletia a filogenia natural dos seres vivos.

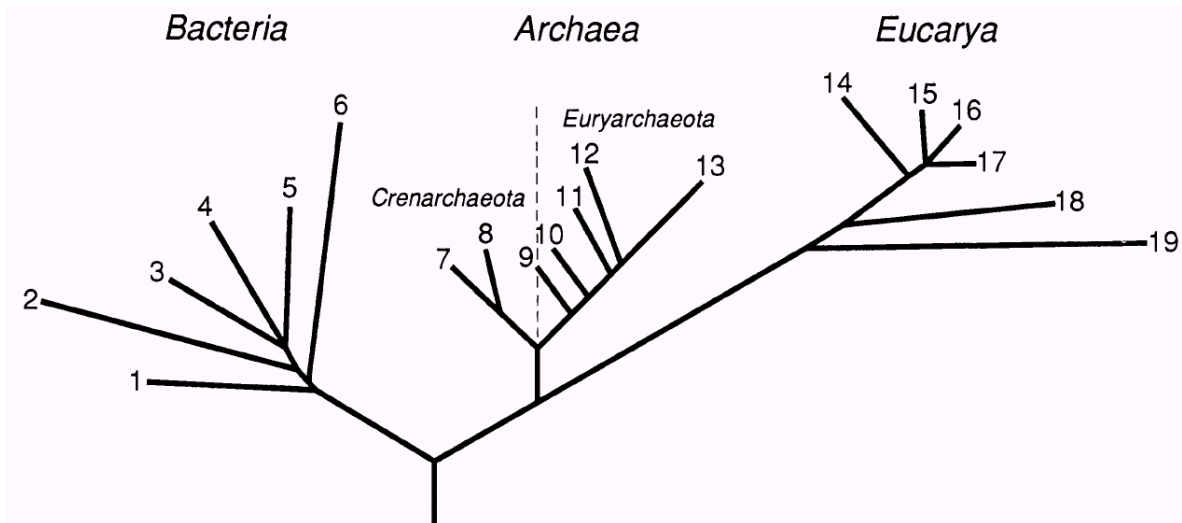
Na proposta inicial de Carl Woese (WOESE, 1987) o domínio Bacteria era formado por 11 filos compostos principalmente por indivíduos cultivados e caracterizados (Figura 2). Entretanto, estudos moleculares independentes de cultivo demonstraram que o Domínio Bacteria possui mais filos, sendo que alguns apresentam poucos ou nenhum representante cultivável (DE LONG e PACE, 2001). Uma nova classificação, incluindo seqüências de 16S rRNA de organismos retirados diretamente do ambiente, feita por HUNGENHOLTZ e colaboradores em 1998 (HUNGENHOLTZ, GOEBEL e PACE, 1998b) aumentou o número de filos bacterianos para 36 (Figura 3). Mais recentemente RAPPÉ e GIOVANNONI (2003), também utilizando seqüências 16S

rDNA amplificados de DNA total de diversos ambientes, aumentaram esse número para 52 filos (Figura 4).

Os estudos de amostras ambientais indicam que os microrganismos procarióticos representam o maior reservatório de diversidade genética do planeta (TORSVIK, 2000). O número total de células procarióticas na Terra é estimado em  $4-6 \times 10^{30}$ , representando uma quantidade de carbono celular de  $350-550 \times 10^9$  toneladas. Essa quantidade de carbono representa 60-100% do carbono total estimado nas plantas. No que diz respeito ao nitrogênio (N) e ao fósforo (P), os procariotos contêm  $85-130 \times 10^9$  toneladas e  $9-14 \times 10^9$  toneladas, respectivamente. Estes valores são cerca de 10 vezes maiores do que o das plantas, o que coloca esse grupo de organismos como de N e P (WHITMAN, COLEMAN e WIEBES, 1998. A extrapolação de resultados obtidos em vários estudos sugere que 1 grama de solo contém cerca de 10 bilhões de procariotos pertencentes a milhares de espécies diferentes (ROSSELÓ-MORA e AMANN, 2001).

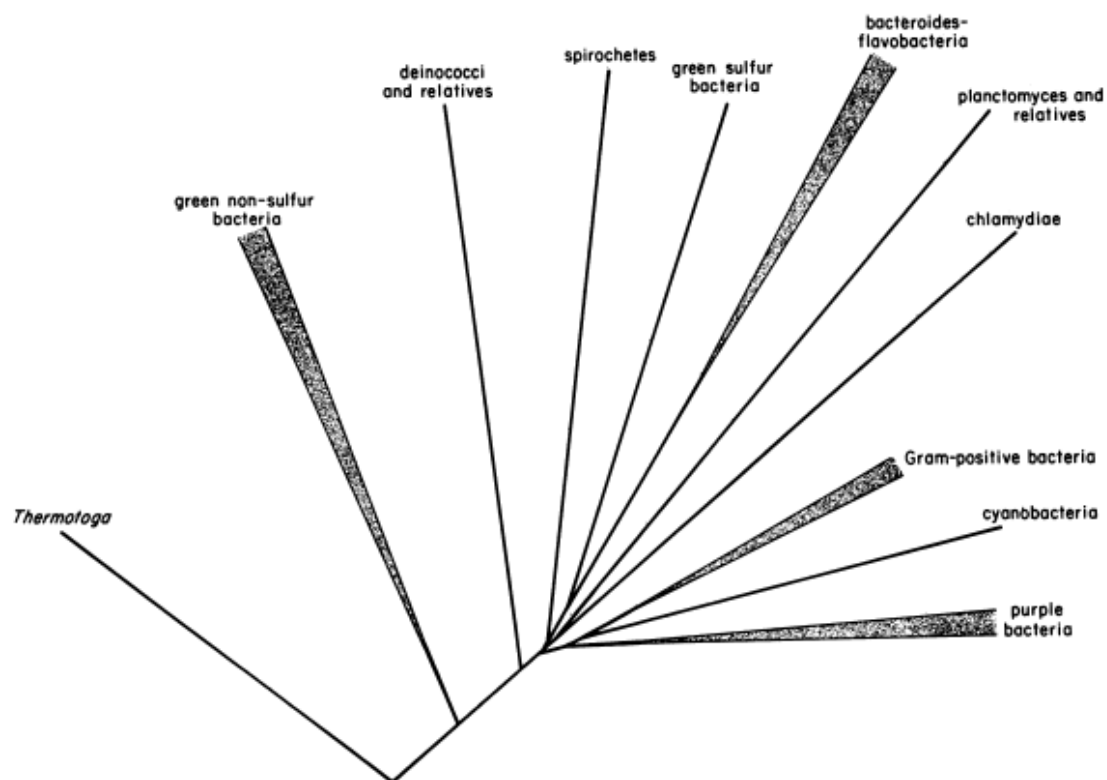
O número de espécies microbianas identificadas cresce a cada ano, sendo formalmente descritos mais de 70.000 fungos, 36.000 protozoários, 30.000 algas, 5.000 bactérias e 3.600 vírus. Mas esses números ainda estão longe do total de espécies microbianas, estimado mais de 2 milhões (ROSSELÓ-MORA & AMANN, 2001). A principal razão para o baixo número de espécies formalmente descritas era a necessidade de cultivo celular no processo de identificação dos microrganismos, o que na grande maioria das vezes não é possível (PACE et al., 1986). A perspectiva de uma vasta diversidade de microrganismos não-cultiváveis no solo estimulou o desenvolvimento de técnicas que permitissem o estudo dessas comunidades microbianas independente de cultivo.

**FIGURA 1- CLASSIFICAÇÃO FILOGENÉTICA UNIVERSAL DOS SERES VIVOS  
PROPOSTA POR CARL WOESE et al (1990).**



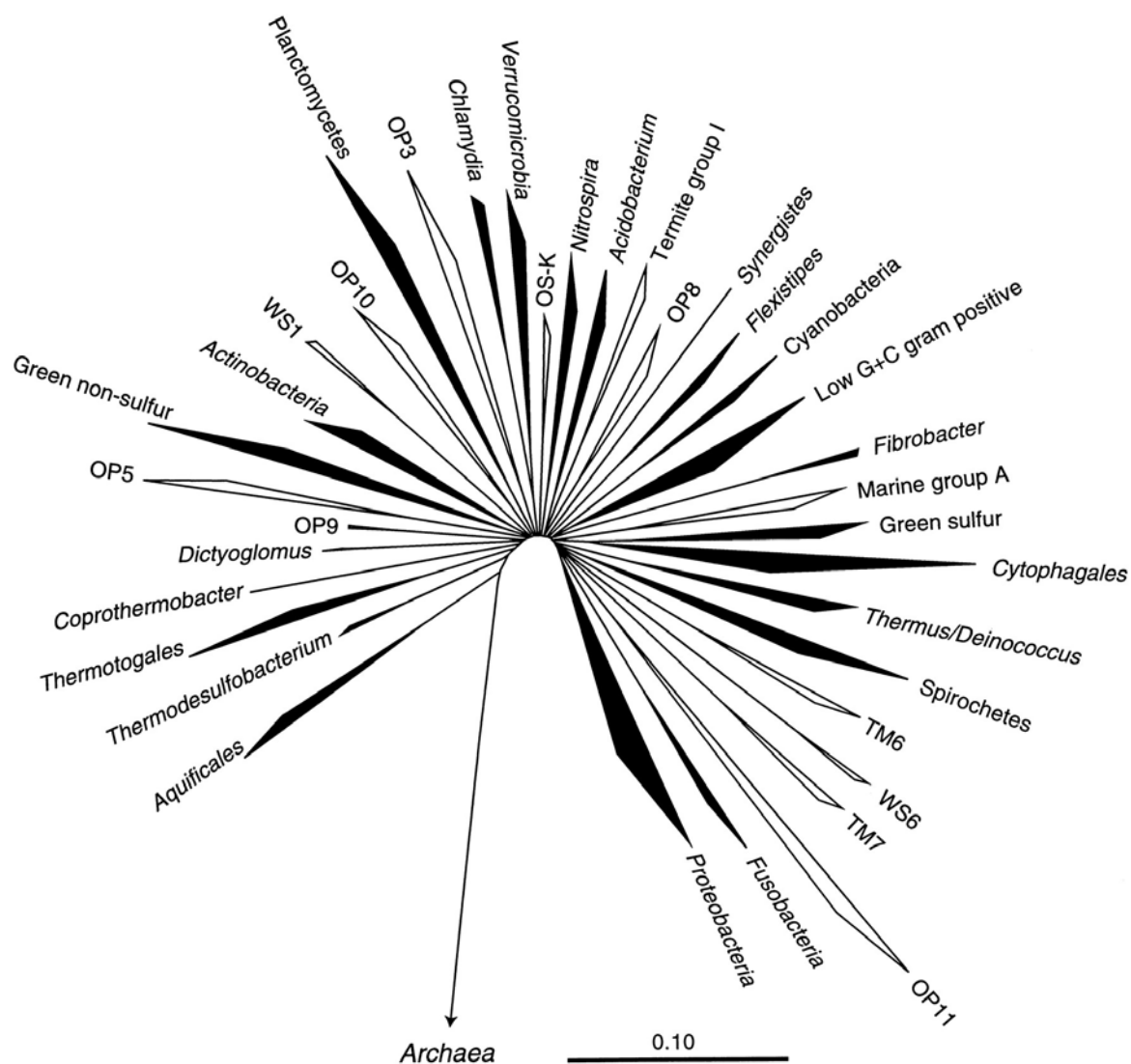
Árvore filogenética universal em forma de raiz mostrando os três domínios. A ordem e o tamanho dos braços são baseadas na comparação de seqüências de 16S e 18S 'rRNA. Os números nos braços correspondem a: Domínio Bacteria: 1) Thermotogales, 2) Flavobacterias e relacionados, 3) Cyanobacteria, 4) Bactérias púrpuras, 5) Bactérias gram-positivas e 6) Bactéria verde-não sulfurosas. Domínio Archaea, Reino Crenarchaeota: 7) Gênero Pyrodictium, 8) Gênero Thermoproteus, Reino Euryarchaeota: 9) Thermococcales, 10) Methanococcales, 11) Methanobacteriales, 12) Methanomicrobiales e 13) Halofilas extremas. Domínio Eucarya: 14) Animais, 15) Ciliados, 16) Plantas verdes, 17) Fungos, 18) Flagelados e 19) Microsporídia. (Adaptado de WOOSE, KANDLER e WHEELIS, 1990)

**FIGURA 2 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR WOESE (1987)**



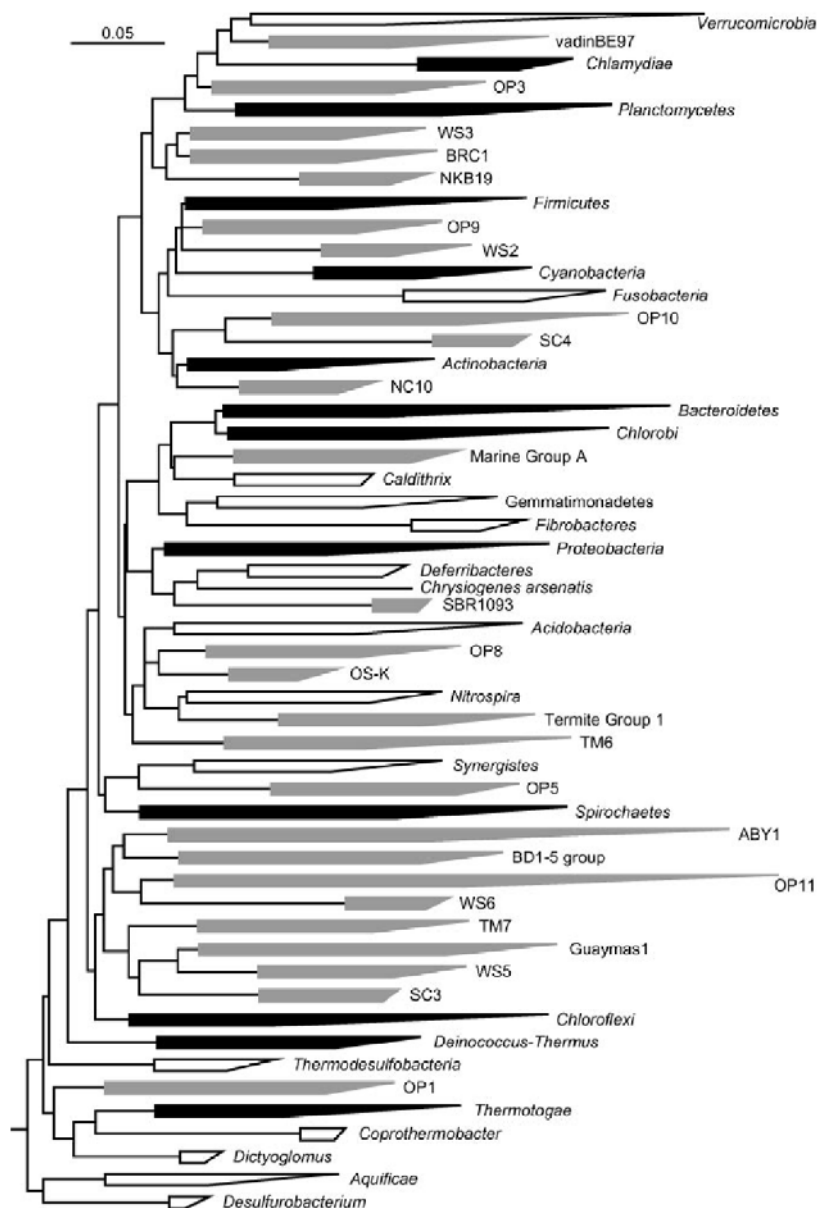
A árvore apresenta 11 filos bacterianos. O grupo das bactérias gram-positivas foi posteriormente dividido em Firmicutes e Actinobacteria.

**FIGURA 3 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR HUNGENHOLTZ et al (1998b)**



A árvore apresenta 36 filos bacterianos. Ramos preenchidos indicam filos que apresentam representantes cultivados. Ramos não preenchidos indicam filos formados apenas por indivíduos não cultivados. A barra de escala representa 0,1 mudança nucleotídica por posição. Árvore reproduzida a partir de HUNGENHOLTZ, GOEBEL e PACE, 1998b

**FIGURA 4 - ÁRVORE FILOGENÉTICA DO DOMÍNIO BACTERIA PROPOSTA POR RAAPÉ E GIOVANNONI (2003)**



A árvore apresenta 52 filos bacterianos. Setas preenchidas representam os 12 filos originais (bactérias gram negativas foram divididas em Firmicutes e Actinobacteria) descritos por Woese (WOESE, 1987), não preenchidas os filos que possuem representantes cultivados reconhecidos desde 1987 e em cinza estão os 26 filos candidatos que não possuem representantes cultiváveis conhecidos. A barra de escala representa 0,05 mudanças nucleotídicas por posição. Árvore reproduzida a partir de RAAPÉ e GIOVANNONI, 2003.

## 2.4 Métodos moleculares para estudar a diversidade microbiana

O termo diversidade para a biologia é geralmente utilizado para descrever o número de espécies presentes em um habitat. Em termos moleculares, a diversidade é caracterizada pelo número de diferentes tipos de seqüências de DNA encontradas no ambiente (LIESACK et al., 1997).

A três séculos atrás Antonie Van Leeuwenhoek descobriu as primeiras evidências da existência do que hoje chamamos procariotos. Quase dois séculos depois, em 1870, Ferdinand Cohn, Louis Pasteur e Robert Koch criaram o campo da microbiologia. Ferdinand Cohn descobriu esporos de bacilos resistentes a temperatura e criou o termo "espécie conceito" para bactéria. Louis Pasteur derrubou a hipótese da geração espontânea e Robert Koch introduziu o meio sólido com agar como método para isolar culturas puras de microrganismos. Essas descobertas forneceram ferramentas para o desenvolvimento da taxonomia e genética bacterianas (KELLER e ZENGLER, 2004). Entretanto, hoje sabe-se que apenas uma pequena fração dos microrganismos pode ser cultivada usando essas técnicas tradicionais.

O cultivo de células bacterianas em laboratório usa suspensões de células diluídas serialmente e plaqueadas em meio sólido para obter colônias isoladas, a partir das quais são realizados testes bioquímicos e fenotípicos que auxiliam na identificação das espécies (PROSSER, 2002). Estas características, no entanto, não geram informações sobre as relações evolutivas entre os organismos, o que deveria ser a base para um sistema de classificação (HUNGENHOTLZ e PACE, 1996). Além disso, o tamanho microscópico dos microrganismos e, em muitos casos, a dependência de hospedeiros e substratos específicos para sua sobrevivência e multiplicação também são importantes limitações dos métodos de cultivo tradicionais (TORSVIK & ØVREÅS, 2002).

Esse cenário começou a mudar em 1980 quando Torsvik (TORSVIK, 1980) publicou o primeiro protocolo de extração de DNA de amostra de solo, um procedimento que necessitava de 60-90 g de solo e demorava 3 dias para ser executado. Passados mais de 20 anos muitas modificações foram feitas na

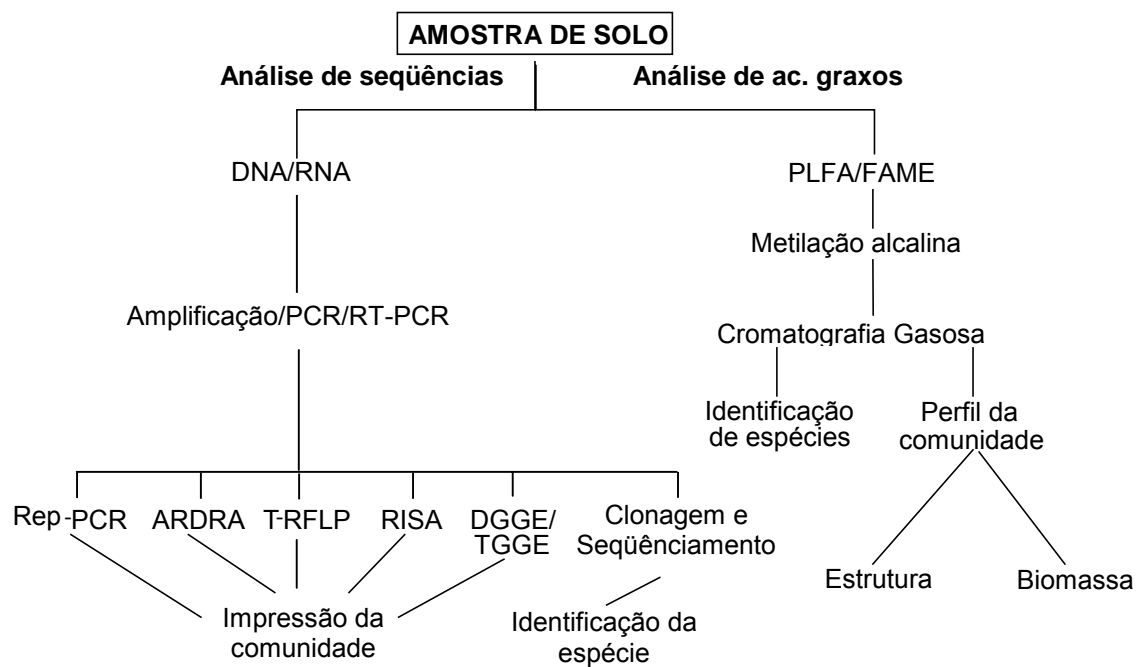
metodologia original, que hoje requer menos de 1 g de amostra e pode ser feito em menos de 30 minutos (OGRAM, 2000).

Com o advento das técnicas de reação em cadeia da polimerase (PCR) (SAIKI et al., 1988) e seqüenciamento de DNA (SANGER et al., 1977), os métodos moleculares, especialmente aqueles baseados no estudo da seqüência do 16S rDNA, têm sido muito úteis na descoberta de novos microrganismos. Estas técnicas se baseiam na amplificação do 16S rDNA por PCR e posterior caracterização por clonagem e seqüenciamento. Outros métodos para estudo da comunidade global consistem na análise de restrição do rDNA amplificado (ARDRA), no polimorfismo do tamanho do fragmento de restrição terminal (T-RFLP), na amplificação aleatória de DNA polimórfico (RAPD), na análise do espaço ribossomal intergênico (RISA), na eletroforese em gel com gradiente desnaturante (DGGE), na eletroforese em gel de gradiente de temperatura (TGGE) e no polimorfismo conformacional de fita simples (SSCP)(TORSVIK ØVREAS, 2002b). Existem ainda métodos que se baseiam no perfil dos ácidos graxos Fosfolipídico (PLFA) e ácido graxo Metil Éster (FAME) para obter um perfil da comunidade bacteriana (KOZDRÓJ e van ELSAS, 2001). Uma visão geral das técnicas e de sua aplicação é apresentada na Figura 5.

Atualmente muitos esforços têm sido feitos na tentativa de cultivar os microrganismos do solo, mas geralmente os isolados representam um filotipo já conhecido. Muitos dos organismos recentemente cultivados apresentam dificuldades em crescer até uma densidade de células suficiente que permita o armazenamento em coleções de cultura e requerem novos métodos de preservação que, geralmente, visam preservar o DNA do isolado (KELLER e ZENGLER, 2004).



**FIGURA 5- METODOLOGIAS PARA ANÁLISE DE COMUNIDADES MICROBIANAS (ADAPTADO DE KOZDRÓJ E VAN ELSAS, 2001)**



## 2.5 Marcadores moleculares

O uso de marcadores moleculares para investigar a estrutura e a diversidade de comunidades microbianas tem possibilitado o desenvolvimento de uma nova metodologia no estudo dos aspectos característicos da ecologia desses organismos (WARD et al., 1992). Um marcador molecular confiável para análises filogenéticas deve possuir as características seguintes: 1) ser distribuído universalmente, 2) ser estrutural e funcionalmente homólogo, 3) permitir o alinhamento das seqüências e 4) as mudanças nas seqüências devem ocorrer proporcionalmente à distância evolucionária. Desse modo, os marcadores moleculares atuam como relógios moleculares. Um relógio molecular pode ser definido como uma molécula cuja seqüência muda aleatoriamente com o tempo segundo uma velocidade constante de mudança (nucleotídeos por milhão de anos). Baseados no produto, tempo vezes velocidade de mudança, pode-se determinar a relação filogenética entre duas seqüências de organismos diferentes provindas de um ancestral comum (WOOSE, 1987).

Em 1965 Zuckerkandl e Pauling, em seu clássico artigo *Molecules as documents of evolutionary history*, anteviram o futuro dos estudos em filogenética e evolução usando a comparação de seqüências de proteínas para inferir as relações evolutivas entre organismos (ZUCKERKANDL e PAULING, 1965). As seqüências moleculares são essencialmente lineares e contém milhares de caracteres independentes. Considerando-se que existe um grande número de seqüências de um dado tamanho ou composição, as similaridades entre as seqüências indicam uma origem comum das proteínas ou genes correspondentes e podem ser usadas para a reconstrução de genealogia molecular (LUDWING e SCHLEIFER, 1994)

Com o advento das modernas técnicas de seqüenciamento genético (SANGER et al., 1977), não apenas as proteínas, mas também muitos genes passaram a ser utilizados como marcadores moleculares. LLOYD e SHARP utilizaram seqüências do gene *recA* de 25 espécies para estabelecer relações filogenéticas entre elas (LLOYD e SHARP, 1993). MOLLET e colaboradores

(1997) utilizaram a seqüência do gene *rpoB*, que codifica para a subunidade  $\beta$  da RNA polimerase, com a mesma finalidade. ROSADO e colaboradores (1998) estudaram a variabilidade das seqüências do gene *nifH* em amostras de solo e no gênero *Paenibacillus sp.* Mas dentre os marcadores moleculares filogenéticos, o 16S rRNA de procariotos e o 18S rRNA de eucariotos, se tornaram os marcadores mais usados.

## **2.6 Uso da seqüência 16S rRNA como marcador molecular para inferir filogenia.**

A complexidade morfológica e a existência de dados fósseis de animais e plantas permitiram o estabelecimento de um sistema de classificação baseada na filogenia destes organismos. Entretanto, a morfologia e fisiologia bacterianas e muitas outras propriedades não são informativas o suficiente para serem utilizadas como marcadores filogenéticos e geralmente acabam agrupando organismos que são essencialmente diferentes (PACE, 1997).

As seqüências de rRNAs ocupam uma posição central no estudo da evolução e ecologia dos microrganismos. O método original consistia na extração de rRNA de culturas puras seguido por análises comparativas realizadas com o uso dos catálogos de oligonucleotídeos de 16S rRNA (FOX, PECKMAN e WOESE, 1977). Atualmente, análises comparativas da estrutura primária dos genes de rRNA transformaram a taxonomia microbiana de um simples sistema de identificação para um sistema estruturado de sistemática baseado na história evolutiva dos organismos (OLSEN, WOESE e OVERBEEK, 1994). PACE e colaboradores (1986) foram os primeiros autores a sugerirem o uso do gene 16S rDNA como um marcador molecular para o estudo de populações microbianas em amostras do ambiente, independente do seu cultivo.

Análises de macromoléculas envolvidas no processamento da informação contida nos ácidos nucleicos (replicação do DNA, transcrição, e tradução) geralmente produzem uma árvore filogenética apresentando a topologia dividida nos três domínios (Bacteria, Archaea e Eucarya). Por outro lado, análises

filogenéticas baseadas em genes metabólicos ou regulatórios não atingem o mesmo resultado (DOOLITTLE, 1999). Além disso, os RNA ribossômicos e outros genes centrais envolvidos na transferência de informações, aparentemente não sofreram uma extensa transferência lateral, produzindo a mais coerente linha para entender e inter-relacionar os principais ramos evolutivos da árvore da vida (OCHMAN, LAWRENCE e GROISMAN, 2000)

As seqüências de 16S rDNA se tornaram padrão na determinação de relações filogenéticas, na avaliação da diversidade em amostras ambientais e na detecção e quantificação de populações específicas (HEAD, SAUNDERS e PICKUP, 1998). A escolha do 16S rDNA decorreu do fato dele apresentar todas as características necessárias a um marcador molecular ideal: possui uma distribuição universal, estrutura e função conservadas entre os *taxa* e um tamanho grande o suficiente que permita o aparecimento de divergências na seqüência. Além disso, sua estrutura primária possui uma alternância entre regiões mais e menos conservadas permitindo a investigação de um amplo espectro de distâncias filogenéticas, desde o nível de domínio até o nível de espécie (LUDWIG e SCHLEIFER, 1994). Por fim, o grande número de seqüências de 16S rDNA disponíveis atualmente(≈190 mil seqüências segundo o *Ribosomal Database Project-II* rdp.cme.msu.edu), favorece ainda mais o uso desse gene como marcador molecular filogenético por permitir uma vasta gama de comparações.

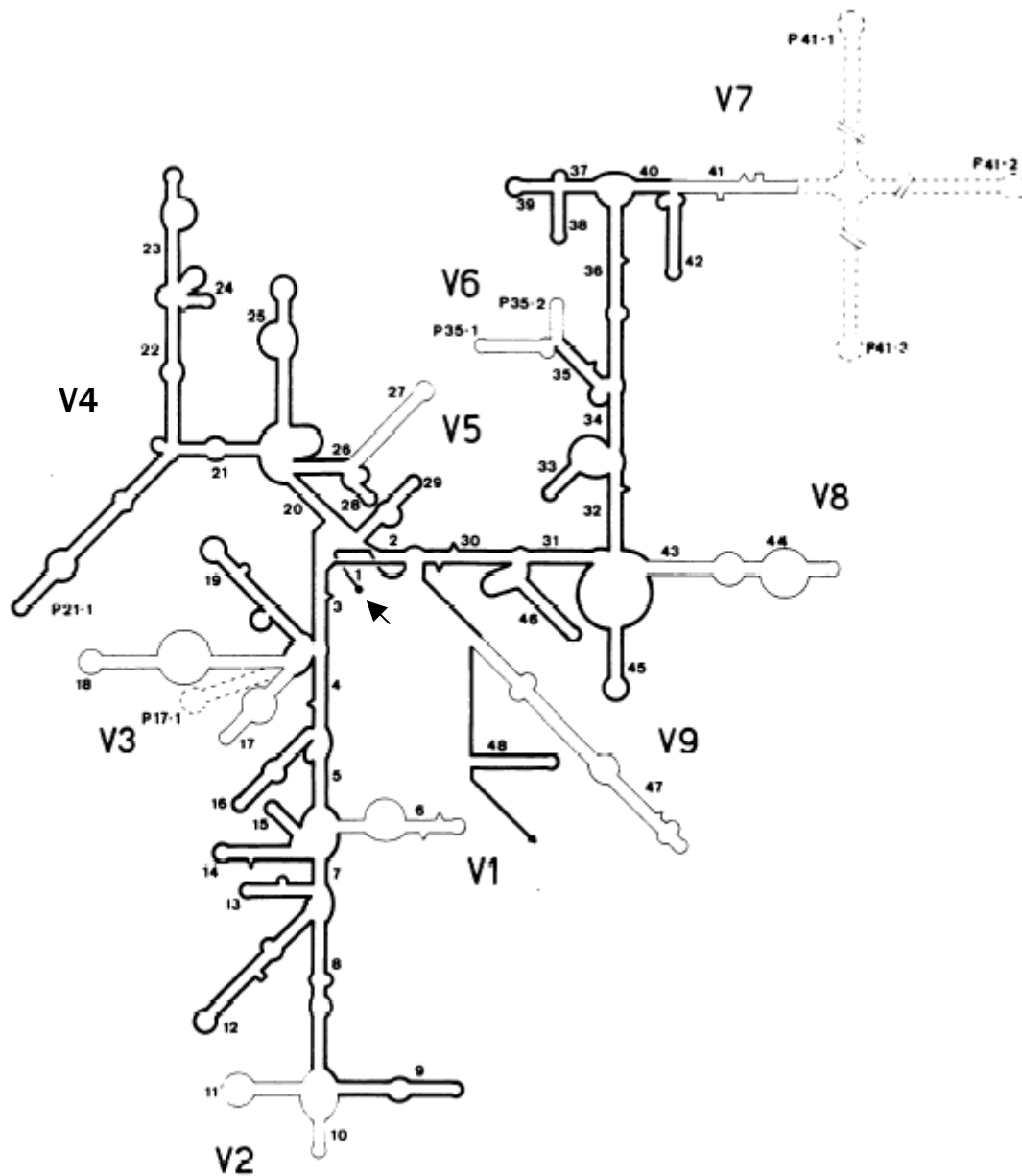
O aperfeiçoamento dos métodos de extração de DNA de amostras ambientais, PCR, clonagem e seqüenciamento permitiu a exploração dos mais variados tipos de ambientes e o desenvolvimento de diversos trabalhos e análises baseados no 16S rDNA. Por exemplo, ambientes antes considerados pobres em vida, desde os abismos hipersalinos do Mar Mediterrâneo (VAN DER WIELEN et al., 2005) até as fontes hidrotermais do parque de Yellowstone nos EUA (HUGENHOLTZ et al., 1998a), demonstraram possuir uma ampla variedade de organismos procarióticos.

## 2.7 Estrutura secundária do 16S rRNA

O 16S rRNA é uma das moléculas que compõe, juntamente com outras 21 proteínas, a subunidade menor do ribossomo nos domínios Archaea e Bacteria. Sua estrutura secundária (Figura 6) possui pareamentos diferentes do proposto por Watson-Crick (A-U e C-G) e várias hélices oriundas do pareamento intracadeia que são numeradas a partir da extremidade 5' da molécula (WOESE et al., 1983). O número total de hélices e a suas localizações são características usadas para separar grupos filogenéticos (DAMS et al., 1988). O 16S rRNA possui também 9 regiões variáveis, alternadas com regiões conservadas, denominadas de V1 a V9. Estas regiões podem, juntamente com as regiões das hélices, serem utilizadas para determinação de filogenia (WOESE et al., 1983 e DAMS et al., 1988). Áreas variáveis podem ser usadas para estudar as relações evolutivas entre dois organismos muito próximos. Já as áreas conservadas podem ser usadas para revelar relações antigas entre duas moléculas.

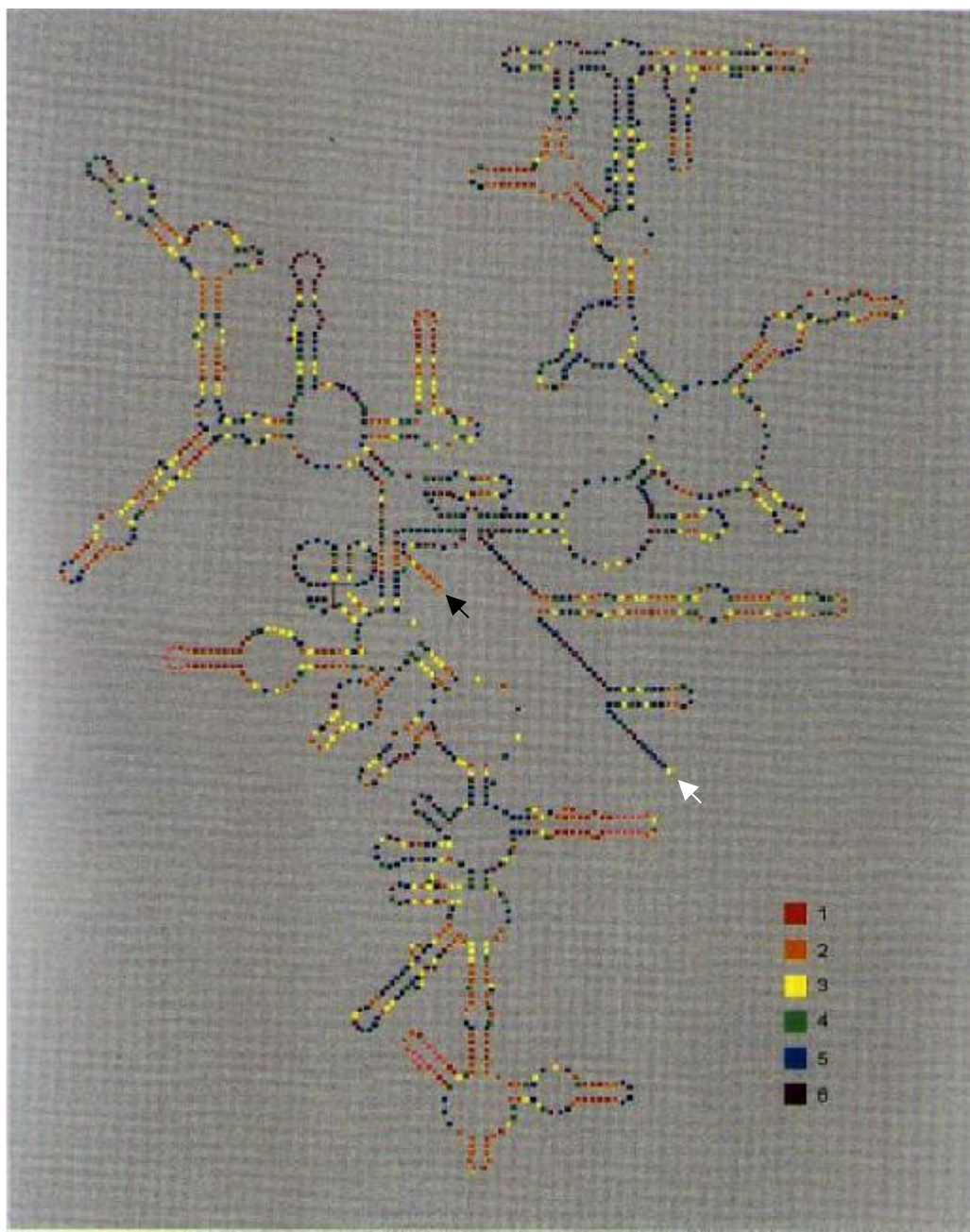
Baseado no modelo da estrutura secundária do 16S rRNA de *E. coli*, VAN DER PEER e colaboradores (1996) determinaram um mapa de substituição para cada base nitrogenada da molécula (Figura 7). A variabilidade de cada sítio nucleotídico é definida como sua taxa evolutiva relativa à média da taxa evolutiva de todos os sítios nucleotídicos da molécula. Assim os autores demonstraram que os sítios mais variáveis possuem uma taxa de substituição até sete mil vezes maior do que aqueles com a menor taxa de substituição e também que existem bases em certas posições que são absolutamente conservadas entre diferentes filós bacterianos.

**FIGURA 6 - MODELO DA ESTRUTURA SECUNDÁRIA DO 16S E 18S rRNA.**



As hélices são numeradas de acordo com a ocorrência a partir da extremidade 5' (seta preta). Hélices caracterizadas apenas por números são características de procariotos e eucariotos. Hélices cujo o número é precedido por 'P' são exclusivas de procariotos. Hélices que apresentam números hifenados representam bifurcações de uma hélice principal. As linhas mais escuras representam regiões mais conservadas e as linhas mais finas representam regiões variáveis (V1 a V9). Procariotos não possuem V4. Hélices em linha pontilhada são raras. A sequência do 16S rRNA domínio Archaea segue o mesmo padrões geral de Bacteria com exceção da hélice 35 que não é ramificada, sendo esta uma característica do domínio Eukaria (Modelo reproduzido a partir de DAMS et al., 1988)

**FIGURA 7 – MAPA DE SUBSTITUIÇÃO NUCLEOTÍDICA DO 16S rRNA  
PROPOSTO POR VAN DER PEER et al (1996)**



Os nucleotídeos estão divididos em grupos de variabilidade crescente sendo as bases em vermelho as mais variáveis e as em preto as menos variáveis. Posições absolutamente conservadas são apresentadas em roxo. Molécula apresentada no sentido 5' (seta preta) → 3' (seta branca). Modelo reproduzido a partir de VAN DER PEER et al (1996).

### **3. OBJETIVOS**

#### **3.1 Objetivos gerais**

Determinar a diversidade de organismos pertencentes aos domínios Bacteria e Archaea de amostras de solos da Mata Atlântica paranaense.

#### **3.2 Objetivos específicos**

- Isolar o DNA total de 10 amostras de solo da Mata Atlântica paranaense coletados ao longo da estrada da Graciosa;
- Amplificar e clonar os genes do RNA ribossômico 16S de Bacteria e Archaea usando iniciadores específicos;
- Construir bibliotecas de 16S rDNA das amostras de solo;
- Seqüenciar a região inicial 5' do gene que codifica para o 16S rRNA dos clones obtidos;
- Determinar a diversidade de espécies bacterianas através de índices de diversidade.



## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Microrganismos e plasmídeo

A estirpe de bactéria TOP10 (GRANT, 1990) de *E. coli* foi utilizada como hospedeira dos plasmídeos derivados do pGEMT (Promega).

ESTIRPE: <i>E. COLI</i>	GENÓTIPO E/OU FENÓTIPO	REFERÊNCIA
TOP 10	F <sup>-</sup> <i>mcrA</i> $\Delta(mrr-hsdRMS-mcrBC)$ $\phi$ 80/ <i>lacZ</i> $\Delta$ M15 $\Delta$ <i>lacX74</i> <i>recA1</i> <i>ara</i> $\Delta$ 139 $\Delta$ ( <i>ara-leu</i> )7697 <i>galU</i> <i>galK</i> <i>rpsL</i> (Str <sup>R</sup> ) <i>endA1</i> <i>nupG</i>	GRANT, 1990
PLASMÍDEO		REFERÊNCIA
pGEM-T easy	LacZ, <i>lacI</i> , Amp <sup>R</sup>	Promega

Para crescimento bacteriano em meio líquido foi utilizado o meio Terrific Broth (TB) (SAMBROOK et al., 1989) contendo 250 µg/mL de ampicilina. As culturas foram incubadas no agitador a 37°C e 180 rpm durante a noite. Para cultivo em meio sólido foi utilizado o meio Lisogenic-Broth Agar (LA) (SAMBROOK et al., 1989). Quando necessário foram adicionados 250 µg/mL de ampicilina no meio de cultura. As culturas foram incubadas em estufa a 37°C.

### 4.2 Coleta das amostras de solo da Mata Atlântica Paranaense

As amostras de solo utilizadas neste trabalho foram coletadas na porção de Mata Atlântica paranaense compreendida ao longo da rodovia PR 410, conhecida como “Estrada da Graciosa”, que atravessa o trecho mais preservado de Mata Atlântica do país possuindo uma extensão de 28,5 km ([http://www.pr.gov.br/der/malha\\_rod\\_graciosa.shtml](http://www.pr.gov.br/der/malha_rod_graciosa.shtml)). As coordenadas geográficas de cada ponto de coleta foram anotadas utilizando um aparelho GPS (modelo Gardin).

As amostras de solo foram retiradas de uma profundidade entre 0 e 20cm com o auxílio de ferramentas de jardinagem. Primeiramente o terreno foi limpo superficialmente com um rastel para retirada da matéria orgânica em decomposição e em seguida, com o auxílio de uma pá, foi feito o buraco do qual eram retiradas as amostras. Estas foram transferidas para tubos estéreis tipo falcon de 50ml e estocadas em gelo até o retorno ao laboratório. Depois de cada coleta as ferramentas eram lavadas em água corrente e desinfetadas com álcool 70% e água sanitária para evitar contaminações de um solo para outro. No laboratório, frações de 0,5 g de cada solo foram imediatamente processadas e o restante armazenado em freezer a  $-20^{\circ}\text{C}$ .

A caracterização físico-química das amostras de solo coletadas foi realizada no Departamento de Solos – Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná. A interpretação do laudo de análise foi feita com base em TOMÉ JR. (1997).

### **4.3 Manipulação de DNA**

Os métodos de purificação de plasmídeos em tubos de 1,5ml tipo eppendorf, digestão do DNA com endonucleases de restrição, eletroforese em gel de ágar e agarose, foram executados como descrito em SAMBROOK et al (1989).

#### **4.3.1 Extração de DNA total do solo**

A extração do DNA total do solo das 10 amostras coletadas foi realizada utilizando-se o “UltraClean Soil DNA Kit” da *MO BIO Laboratories, Inc.* seguindo-se o protocolo recomendado pelo fabricante.

#### **4.3.2 Amplificação do gene 16S rDNA**

O gene 16S rDNA dos microrganismos presentes nas amostras de solo foi amplificado por reação de PCR utilizando o conjunto de iniciadores

27F/1492R e Y1/Y3 para o domínio Bacteria, e 21F/1392R para o domínio Archaea. Esses conjuntos de iniciadores permitem a amplificação de um fragmento de DNA de aproximadamente 1500 pares de bases do gene 16S rDNA (numeração relativa a sequência do gene de *E. coli*). As seqüências dos iniciadores são apresentadas na Tabela 2.

A reação de PCR foi conduzida em termociclador Eppendorf *Master Cycler Gradient 5331*. Na reação com os iniciadores 27F/1492R foram usadas as seguintes condições de tempo e temperatura: 1 ciclo 95°C por 5 minutos; 20 ciclos de 94°C por 1 minuto, 62°C por 1 minuto e 72°C por 1 minuto; e, finalmente, 1 ciclo de 72°C por 5 minutos. Para a reação com o par de iniciadores 21F/1392R foram usadas as seguintes condições: 1 ciclo 95°C por 5 minutos; 25 ciclos de 94°C por 1 minuto, 58°C por 1 minuto e 72°C por 1 minuto finalizando com 1 ciclo de 72°C por 5 minutos. Já para a reação com os iniciadores Y1/Y3 as condições usadas foram: 1 ciclo 94°C por 2 minutos; 20 ciclos de 93°C por 30 segundos, 62°C por 45 segundos e 72°C por 1 minuto e trinta segundos acabando com 1 ciclo de 72°C por 5 minutos.

O sistema de reação para PCR foi composto por: 2 unidades de enzima Taq DNA polimerase (MGM Acessoria Biológica), tampão de reação para a enzima Taq DNA polimerase (200 mM Tris-HCl pH 8,4, 500 mM KCl) diluído 10 vezes, 0,325 pmol/ $\mu$ l de cada iniciador, 200  $\mu$ mol/L de dideoxynucleotídeos (dATP, dTTP, dCTP e dGTP), 1,5 mmol de cloreto de magnésio e água ultra pura estéril para um volume de final de 20  $\mu$ l. Como molde para a reação foram utilizadas alíquotas de 0,2  $\mu$ L do DNA total das amostras de solo diluídas na proporção 1:20.

**TABELA 2 - INICIADORES UTILIZADOS PARA AMPLIFICAÇÃO DO GENE  
16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO**

DOMINIO	INICIADOR	SEQÜÊNCIA	REFERÊNCIA
Bacteria	Y1	5' TGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGC	Young, 1991
	Y3	5' TACCTTGTTACGACTTCACCCCAGTC	Young, 1991
	27f	5' AGAGTTTGATCCTGGCTCAG	Lane, 1991.
	1492r	5' ACGGCTACCTTGTTACGACTT	Lane, 1991
Archaea	21f	5' TTCCGGTTGATCCCGCCGGA	DeLong, 1992
	1392r	5' ACG GGC GGT GTG TAC	Lane, 1991.

### 4.3.3 Clonagem do gene 16S rDNA

A clonagem dos genes 16S rDNA amplificados das amostras de solo foi feita de forma aleatória (shotgun) utilizando-se o kit comercial *pGEM-T Easy Vector System* (Promega) específico para clonagem de fragmentos de PCR. O vetor pGEM-T (Apêndice 1) é linear e possui uma base nitrogenada timina em cada uma das extremidades. Dessa maneira é possível utilizar a capacidade intrínseca da enzima DNA polimerase de adicionar uma base nitrogenada adenina em cada nova fita de DNA no final de um ciclo de amplificação. A existência de pontas coesivas A – T aumenta a eficiência da ligação do inserto com o vetor. A reação de ligação foi feita utilizando-se 10 ng de vetor pGEM-T, aproximadamente 30 ng DNA produto de PCR, 3 unidades de enzima T4 DNA ligase, tampão de reação diluído 10 vezes (60 mM Tris-HCl pH 7,8, 20 mM MgCl<sub>2</sub>, 20 mM DTT, 2 mM ATP, 10% polietileno glicol) e água ultra pura estéril para um volume final de 10 µl. Além do vetor, a enzima T4 DNA ligase e o tampão de reação também foram fornecidos junto com o kit. O sistema de ligação foi incubado durante a noite em geladeira (aproximadamente 8°C) segundo recomendações do fabricante.

## 4.4 Construção da biblioteca gênica de 16S rDNA

### 4.4.1 Preparo de células eletrocompetentes

A estirpe TOP10 de *E. coli* foi cultivada em 200 ml de meio SOB (Apêndice 2) até D.O.<sub>600</sub> entre 0,6 e 0,8. Em seguida a suspensão de células foi incubada em banho de gelo por 30 minutos e, posteriormente, coletadas por centrifugação em tubos tipo Falcon de 50 ml a 5.000 rpm por 5 minutos a 4°C em centrífuga *Eppendorf 5804R* utilizando o rotor de ângulo fixo, também *Eppendorf*, modelo F 34-6-38. O precipitado de células foi lavado 3 vezes com glicerol 10% gelado sendo, ao final, ressuspenso em 1000 µL da mesma solução.

#### **4.4.2 Transformação bacteriana**

Para eletrotransformação na estirpe TOP10 de *E. coli* alíquotas de 100 µL de células eletrocompetentes foram misturadas a 1 µL do sistema de ligação a ser eletroporado. A mistura foi transferida para uma cubeta de eletroporação de 0,2 cm (BioRad) previamente resfriada e colocada na câmara de eletroporação. As amostras foram submetidas a um choque elétrico de 2,5 kV utilizando o eletroporador *GenePulser II* (BioRad). Às células de *E. coli* foi adicionado 1mL de meio SOC (Apêndice 2) e incubadas por 30 minutos em estufa a 37°C. Após o tempo de recuperação, as amostras foram plaqueadas em meio sólido LA contendo antibiótico ampicilina e X-gal (5-bromo-4-cloro-3-indolil-β-D-galactopiranosídeo) como substrato para a enzima β-galactosidase nas concentrações de 250 µg/mL e 30 µg/ml, respectivamente. Em seguida as placas foram incubadas na estufa a 37°C durante a noite.

#### **4.4.3 Coleta de clones transformantes**

As colônias transformantes (brancas) foram coletadas aleatoriamente com o auxílio de palitos de madeira e organizadas em placas de petri de 96 amostras contendo meio sólido LA e ampicilina. As culturas foram então armazenadas em congelador a -20°C. Para isso as bactérias foram primeiramente inoculadas em placas do tipo ELISA de 96 poços preenchidas com 100 µl de meio líquido TB contendo ampicilina e incubadas durante a noite em estufa 37°C. No dia seguinte foram adicionados 100 µl de glicerol 87% estéril às culturas. As placas foram então seladas com adesivos e armazenadas em congelador a -20°C.

#### **4.5 Purificação de DNA plasmidial em placas de 96 poços**

Para crescimento bacteriano foram utilizados blocos de 96 poços com capacidade de 2mL por poço. Em cada poço da placa foi colocado 1,25 mL

de meio TB contendo 250 µg/mL de ampicilina. As colônias foram inoculadas com o auxílio de repicador de 96 pinos e a placa selada com adesivo perfurado para permitir a aeração. As culturas foram incubadas durante 16 horas em estufa a 37°C sob agitação constante de 180 rpm.

O bloco contendo as culturas crescidas foi centrifugado por 7 minutos a 4000 rpm para sedimentar as células. O meio de cultivo foi retirado e o precipitado de células lavado com 180 µL de GET (glucose 50 mmol/L, EDTA 10 mmol/L pH 8 e Tris-HCl 25 mmol/L pH 8). Após o descartar o sobrenadante, foi adicionado 80 µL de GET contendo 2,5 µg/mL de RNase. As células foram ressuspensas por agitação e a suspensão transferida para uma microplaca (polipropileno) de 96 poços, com capacidade para 250 µL e fundo em V. A cada poço da placa foram adicionados 80 µL de solução de lise (NaOH 0,2 mol/L e SDS 1%). A placa foi selada, misturada por inversão e incubada em temperatura ambiente por 5 min. A seguir acrescentou-se a cada poço 80 µL de KOAc 3 mol/L pH 5,2 gelado e misturou-se por inversão. A placa foi deixada 10 minutos a temperatura ambiente e então incubada aberta em estufa a 90°C por 30 minutos. Após esse tempo a placa foi resfriada em banho de gelo por 10 minutos e centrifugada mais 10 minutos (4000 rpm, 4°C). O sobrenadante foi então coletado e transferido para uma placa de 96 poços Millipore (MAGV N22), fixada sobre uma placa de fundo “V” de 250 µL e o conjunto centrifugado (sem a tampa) por 5 minutos a 4000 rpm. Ao filtrado que passou para a microplaca adiciona-se 100 µL de isopropanol e em seguida centrifuga-se por 45 minutos a 4000 rpm. O precipitado de DNA foi então lavado com 150 µL de etanol 70% e secado em estufa a 37°C por 15 minutos. Em seguida o DNA foi dissolvido em 30 µL de água ultra pura.

#### **4.6 Seqüenciamento de DNA plasmidial**

O seqüenciamento de DNA foi realizado em placas de 96 poços utilizando o método cujo princípio foi descrito por SANGER et al (1977). Foram utilizados dideoxynucleotídeos fluorescentes, separação em eletroforese capilar e

detecção do fluoróforo após excitação com laser em seqüenciador automático *MegaBACE 1000* (Amersham Life Science/Molecular Dynamics).

O sistema de reação foi constituído de aproximadamente 250 ng de DNA de fita dupla, 3,25 pmol de iniciador, 3 µL de reativo *ET terminador mix* (GE Health Care) e água ultra pura suficiente para 7,5 µL. A reação de seqüenciamento foi conduzida em termociclador Eppendorf *Master Cycler Gradient 5331 versão* com as seguintes condições: 1 ciclo de 95°C por 1 minuto seguidos de 35 ciclos de 94°C por 20 segundos e 62°C por 2 minutos. A seguir o produto das reações foi purificado adicionando-se a cada poço 12,5 µl de água ultra pura, 2 µl de acetato de amônio 7,5 mol/L e 3 volumes de etanol 96%. O DNA foi coletado por centrifugação a 4000 rpm por 45 minutos, lavado com 150 µl de etanol 80% e seco em estufa à 37°C. O DNA seco e purificado foi dissolvido em água e aplicado no seqüenciador automático. Cada placa seqüenciada foi aplicada duas vezes no seqüenciador automático para aumentar o número leituras de cada clone.

#### **4.6.1 Iniciadores usados para o seqüenciamento do gene 16S rDNA**

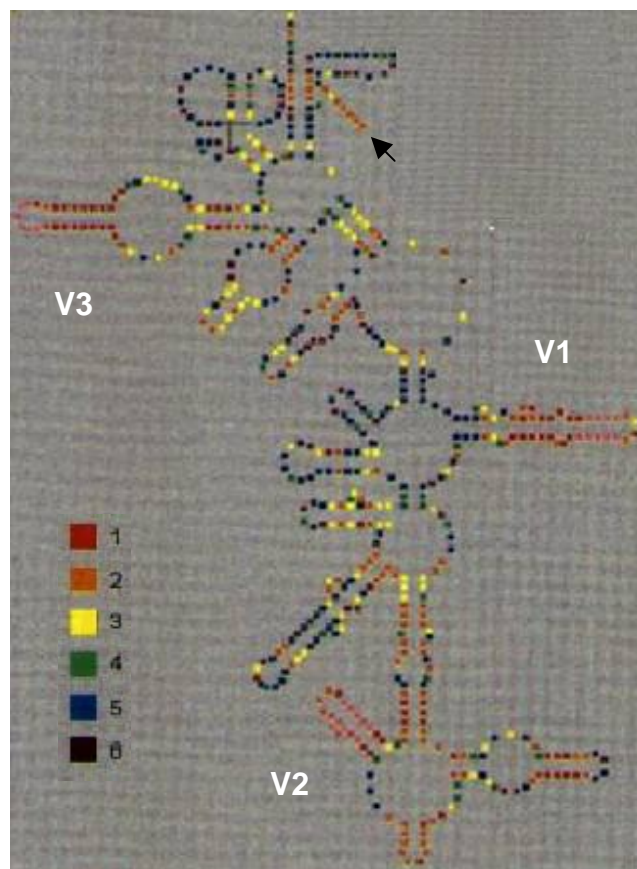
O seqüenciamento parcial do inserto de DNA correspondente ao gene 16S rDNA dos clones obtidos foi realizado com o auxílio dos iniciadores Y1 (universal) e Y2 (reverso). As seqüências e as referências dos iniciadores citados são apresentadas na Tabela 3. A região entre esses dois iniciadores compreende aproximadamente os 350 pares de bases iniciais da seqüência do gene que codifica para o 16S rDNA a partir da extremidade 5' (Figura 8). Esse fragmento possui regiões variáveis e conservadas que em geral são suficientes para se realizar as análises comparativas (VAN de PEER, CHAPELLE e De WACHTER, 1996).



**TABELA 3 - INICIADORES USADOS PARA O SEQUENCIAMENTO DO GENE  
16S rDNA**

<b>Iniciador</b>	<b>Seqüência</b>	<b>Referências</b>
Y1	5' TGGCTCAGAACGAACGCTGGCGGC	YOUNG, et al 1991
Y2	5' CCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGT	YOUNG, et al 1991

**FIGURA 8- REGIÃO DO 16S rRNA COMPREENDIDA ENTRE OS INICIADORES Y1 E Y2 INDICANDO O GRAU DE CONSERVAÇÃO DE CADA BASE**



Detalhe da região inicial da molécula de 16S rRNA, sentido 5' (seta preta) → 3', contendo aproximadamente 350 bases. Os nucleotídeos estão divididos em grupos crescentes de variabilidade, sendo as bases em vermelho as mais variáveis e as em preto as menos variáveis. Posições absolutamente conservadas são apresentadas em roxo. V1, V2 e V3 representam as regiões variáveis 1, 2 e 3, respectivamente. Figura adaptada a partir de VAN DER PEER et al (1996).

## 4.7 Análise das seqüências de DNA

### 4.7.1 Montagem das seqüências consenso (contigs)

As seqüências obtidas de cada clone foram alinhadas para reconstrução da seqüência completa da região Y1-Y2 de cada clone. Para isto foi usado o pacote de programas Phred-Phrap-Consed. O Phred (EWING et al., 1998a; EWING e GREEN, 1998b) é um programa que realiza a identificação de bases a partir do eletroforetograma (base-calling) e determina a confiabilidade de cada base, levando em conta anomalias na migração eletroforética decorrente da inserção dos terminadores e do espectro de emissão dos fluoróforos. O programa utiliza os dados de seqüência contidos no arquivo do eletroforetograma processado inicialmente pelo seqüenciador automático. Em seguida é executado um procedimento em 4 fases para determinar a seqüência de bases mais confiável a partir desse arquivo: (1) primeiramente é determinada a localização dos picos ideais (picos preditos) usando a idéia de que os fragmentos são regularmente espaçados ao longo da matriz no capilar e, dessa forma, estimar o número correto de bases e suas localizações em regiões onde os picos não estão bem resolvidos; (2) em seguida os picos observados são identificados e (3) alinhados com os picos preditos; (4) finalmente os picos observados que não parearam com os picos preditos na fase anterior são analisados e, se for encontrada correspondência, a base é inserida na seqüência.

O programa Phred também utiliza o arquivo do eletroforetograma para determina a probabilidade de erro (p) para cada base analisada tendo como parâmetros o espaçamento, resolução e vizinhança do pico. Esse valor p está relacionado com um índice de qualidade (q) pela equação:

$$q = -10.\log_{10}(p)$$

dessa maneira um valor de qualidade igual a 30 representa a probabilidade de 1 erro em 1000 bases. Quanto mais altos os valores de qualidade, menor a probabilidade de erro.

O programa Phrap ([www.phrap.com](http://www.phrap.com)) foi utilizado para realizar o alinhamento entre as seqüências obtidas, tanto no sentido universal quanto no sentido reverso, gerando uma seqüência consenso. O programa usa os dados de qualidade fornecidos pelo Phred para posicionar as bases e calcular a confiabilidade da seqüência consenso. Dentre outras características do Phrap estão: a capacidade de utilizar todas as seqüências geradas sem necessidade de edição de regiões com baixa qualidade, mas significativas; faz uma combinação de dados fornecidos pelo usuário e dados computados internamente aumentando a precisão da montagem; fornece uma extensa informação sobre o alinhamento incluindo os valores de qualidade para a seqüência contig; é capaz de gerenciar grandes conjuntos de dados e a seqüência do contig é um mosaico constituído das melhores regiões das leituras e não apenas um consenso. Dados anormais como deleções, leituras quiméricas e seqüências provindas do vetor são automaticamente identificadas e tratadas para impedir problemas no alinhamento.

Finalmente o programa Consed (GORDON, ABAJIAN e GREEN, 1998) foi utilizado para visualizar, editar e finalizar o alinhamento das seqüências. Para ser executado o programa requer três tipos de arquivos: os arquivos do eletroforetograma com o perfil de sinal fluorescente, arquivos \*.phd criado pelo programa Phred contendo os valores de qualidade e a posição dos picos para cada base, e os arquivos \*.ace criado pelo programa Phrap e que contém os dados do alinhamento incluindo a seqüência contig e os valores de qualidade. Todas as informações contidas nestes arquivos são compiladas pelo Consed e através da janela criada pelo programa é possível visualizar o eletroforetograma, examinar como as leituras estavam ordenadas e orientadas e analisar os valores de qualidade para cada base, tanto na seqüência individual quanto na seqüência contig. Como última etapa as seqüências dos iniciadores usados para realizar o seqüenciamento foram localizadas e retiradas da seqüência contig restando apenas a região do 16S rDNA a ser analisada.

#### 4.7.2 Comparação das seqüências com banco de dados

A seqüência consenso obtida de cada clone foi comparada com o banco de dados de genes ribossomais do *Ribosomal Database Project II* (RDP II). O RDP obtém as seqüências de rDNA mensalmente a partir do Banco de dados de Seqüência Internacional (*International Nucleotide Sequence Database: GenBank/EMBL/DDBJ*). Essas seqüências são alinhadas com seqüências gerais de rRNA bacteriano através de um modelo que incorpora informações sobre a estrutura secundária da molécula aumentando a confiabilidade. Na última atualização do banco de dados (9.33) de 10 de novembro de 2005, estavam disponíveis 190.785 seqüências de 16S rRNA. O RDP possui também um sistema de classificação taxonômica (*RDP Hierarchy*) que segue a proposta do Manual Bergeys (GARRITY et al., 2002) no qual os principais níveis taxonômicos, em ordem decrescente, são: Domínio, Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero e Espécie.

A comparação com o banco de dados RDP II foi feita através dos programas *Classifier* e *Sequence Match* que utilizam um sistema de pareamento de palavras (*word match*) combinado com uma estatística Baesyana (COLE et al., 2005). O programa *Classifier* tem como objetivo fornecer uma classificação taxonômica inicial para a seqüência submetida e requer um alinhamento prévio dessa seqüência com as seqüências disponíveis no *RDP Hierarchy*. Para essa finalidade ele é treinado com seqüências de genes 16S rDNA de organismos estirpe-tipo conhecidos e as freqüências de todas as subseqüências de 8 bases, denominadas palavras, são calculadas para cada um dos aproximadamente 880 gêneros. Quando uma seqüência é submetida a probabilidade de se observar todas as palavras nessa seqüência é calculada para cada gênero. Seguindo a análise Baesyana, a seqüência será membro do gênero que apresentar a maior freqüência de pareamentos. Essa análise é repetida 100 vezes para um subconjunto de palavras escolhido aleatoriamente a partir da seqüência submetida. O número de vezes que o gênero anteriormente selecionado for

escolhido é usado para estimar um índice de confiabilidade em porcentagem para aquele gênero.

O programa *Sequence Match* utiliza a mesma estratégia de pareamento de palavras de oito nucleotídeos e estatística Baesyana para encontrar seqüências similares à submetida sem requerer alinhamento prévio. Ele pesquisa todo o banco de dados do RDP permitindo ao usuário utilizar 4 diferentes filtros para realizar a pesquisa: 1) estirpe tipo, não tipo ou ambas; 2) organismos não cultivados, isolados ou ambos; 3) moléculas de 16S rDNA  $\geq 1200$  pb,  $< 1200$  pb ou ambos; e 4) classificação taxonômica do Bergey's ou NCBI. Ao final da busca o programa apresenta uma lista contendo os resultados mais prováveis seguindo um índice de similaridade que vai de 0 a 1, já que ele não realiza a repetição de análise que o *Classifier* faz. Esse índice representa o número de palavras únicas compartilhadas entre a seqüência submetida e a seqüência depositada no banco de dados dividido pelo menor número de palavras encontradas em uma ou na outra seqüência. Para este trabalho foram feitas comparações com ambas estirpe tipo e não tipo, organismos não cultivados e isolados, moléculas de 16S rDNA  $\geq 1200$  pb e  $< 1200$  pb e classificação taxonômica do Manual Bergeys.

Tanto o banco de dados quanto os programas estão disponíveis no sítio do RDP II <http://www.rdp.cme.msu.edu> (COLE et al., 2005).

#### **4.8 Cálculo do índice de diversidade Shannon-Weaver (H)**

A diversidade bacteriana foi avaliada calculando-se o índice de diversidade Shannon-Weaver (SHANNON e WEAVER, 1949) para cada amostra de solo. Ele é definido pela equação abaixo:

$$H = -\sum p_i (\ln p_i)$$

na qual  $p_i$  é uma proporção do número total de espécies  $i$ , obtida dividindo-se o número total de indivíduos de uma determinada espécie encontrada na

comunidade pelo número total de indivíduos encontrados na mesma comunidade. Essa razão fornece pesos individuais para cada espécie de acordo com sua abundância diminuindo a influência de espécies raras.

Um critério de similaridade foi adotado para identificar seqüências provindas de uma mesma espécie, já que o cálculo do índice Shanno-Weaver leva em consideração o número de espécies e o número de representantes de cada espécie em cada amostra de solo. Desse modo, seqüências de 16S rDNA que apresentaram similaridade igual ou superior a 95% foram agrupadas em uma mesma espécie. Os valores de similaridade para 16S rDNA utilizados em diferentes trabalhos variam de 80% a 98% dependendo do objetivo, mas o valor de mínimo de similaridade de 95% para o 16S rDNA está de acordo com o valor mínimo de similaridade de 70% para comparação entre genomas completos (LUDWIG et al., 1998; LA SCOLA et al., 2003; SNELL-CASTRO et al., 2005). A matriz de similaridade foi construída com o auxílio do programa BioEdit (HALL, 1999) após alinhamento das seqüências pelo programa ClustalW (THOMPSON et al., 1994).

A partir do índice Shannon-Weaver (H) e do número de espécies diferentes (riqueza de espécies - S) foi possível calcular também um índice de distribuição das espécies (E), utilizando a equação abaixo:

$$E = H / \ln(S)$$

O índice "E" é uma medida de quão similar as abundâncias das diferentes espécies são em uma mesma comunidade. Quando existe uma proporção similar de todas as espécies então E=1. Se essa proporção não for similar o valor de E diminui (HILL, 1973).

## 5. RESULTADOS

### 5.1 Coleta das amostras de solo de Mata Atlântica

As amostras de solo de Mata Atlântica foram coletadas ao longo da rodovia PR 410 (Estrada da Graciosa) a 37 km de Curitiba (Apêndice 3). O portal de entrada da Estrada da Graciosa foi adotado como marco zero (km 0) e a partir dele foram coletadas 10 amostras de solo que foram denominadas MA01 a MA10. As coordenadas geográficas de cada amostra foram determinadas com um aparelho GPS. Os dados da coleta são apresentados na Tabela 4.

Os pontos de coletas foram escolhidos tentando-se manter um equilíbrio entre a distância percorrida, altitude e o isolamento de influências antrópicas. Observando principalmente esse último fator foi necessário adentrar vários metros na mata até encontrar um local mais isolado. Desse modo, a distância do marco zero não é o ponto exato da coleta, mas apenas um dos parâmetros que devem ser levados em conta na localização. Dentre as 10 amostras de solo, as amostras MA01 a MA07 foram coletadas na porção de floresta compreendida pela Serra do Mar sendo, por isso, as mais isoladas da influência humana. Já as amostras MA08 a MA10 foram coletas na porção de floresta além da Serra e que estava sujeita a uma maior atividade humana, como desmatamento, habitação e rodovias movimentadas. Fotos dos 10 pontos de coleta são apresentadas no Apêndice 4.

As características físico-químicas das amostras de solo também foram determinadas (Tabela 5). Todas as amostras apresentaram um pH baixo (entre 3,70 e 4,40) que as classificam como possuindo acidez muito elevada ( $\leq 4,50$  em  $\text{CaCl}_2$ ). Os cátions  $\text{Al}^{+3}$ ,  $\text{Ca}^{+2}$ ,  $\text{Mg}^{+2}$ , e  $\text{K}^{+}$  determinados são somados para se obter a soma de bases (SB). A soma de bases dá uma indicação do número de cargas negativas que está ocupado por bases. A Capacidade de Troca de Cátions em pH 7,0 (T) representa a quantidade de cátions adsorvidas pelo solo em pH 7,0. A partir desses dois parâmetros é possível calcular a percentagem de saturação de bases (V%) e a percentagem de saturação de alumínio (m%) que são utilizados



na identificação do tipo de solo. A saturação por bases foi baixa ( $V\% < 50\%$ ) em todas as amostras classificando os solos como Distróficos ou pouco férteis. A saturação por alumínio (m%) foi considerada muito alta ( $>50\%$ ) em quase todas as amostras. Na amostra MA08 m% ficou em 43% sendo classificada como alta (35-50%). Essa característica classifica o solo como álico. O teor de matéria orgânica ( $C\ g/dm^3$ ) foi considerado alto apenas na amostra MA01 ( $>50\ g/dm^3$ ). As outras amostras apresentaram índices inferiores e foram classificadas como possuindo baixo teor de matéria orgânica ( $<50\ g/dm^3$ ).

**TABELA 4 – COORDENADAS DOS PONTOS DE COLETA**

AMOSTRAS	<sup>a</sup> DISTÂNCIA	LONGITUDE (W)	LATITUDE (S)	<sup>b</sup> ALTITUDE
MA01	2,5	48°55,654'	25°19,181'	874
MA02	5,0	48°54,505'	25°19,982'	900
MA03	6,0	48°54,086'	25°20,023'	896
MA04	7,5	48°53,908'	25°20,068'	810
MA05	10,0	48°53,215'	25°21,016'	604
MA06	13,4	48°43,028'	25°21,623'	375
MA07	17,2	48°52,373'	25°22,291'	161
MA08	20,6	48°51,978'	25°23,723'	95
MA09	25,1	48°52,575'	25°25,614'	44
MA10	41,8	48°47,661'	25°32,515'	29

<sup>a</sup>Distância em km a partir do portal de entrada da Estrada da Graciosa

<sup>b</sup>Altitude em metros em relação ao nível do mar

**TABELA 5 - CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DAS AMOSTRAS DE SOLO COLETADAS**

AMOSTRA	pH	Al <sup>+3</sup>	H <sup>+</sup> + Al <sup>+3</sup>	Ca <sup>+2</sup>	Mg <sup>+2</sup>	K <sup>+</sup>	SB <sup>a</sup>	T <sup>b</sup>	P	C	V <sup>c</sup>	m <sup>d</sup>	Ca/Mg	Argila
	CaCl <sub>2</sub>	e cmol <sub>c</sub> /dm <sup>3</sup>							mg/dm <sup>3</sup>	g/dm <sup>3</sup>	%	%		g/kg
MA01	4,00	3,70	18,80	0,60	0,30	0,20	1,10	19,90	4,20	74,2	6	77	2,0	475
MA02	3,70	2,50	9,00	0,30	0,20	0,09	0,59	9,59	1,90	20,8	6	81	1,5	150
MA03	3,90	2,60	11,30	0,30	0,20	0,11	0,61	11,91	7,00	36,5	5	81	1,5	250
MA04	3,80	3,20	11,30	0,30	0,20	0,11	0,61	11,91	3,20	25,7	5	84	1,5	300
MA05	3,80	2,90	11,30	0,30	0,20	0,12	0,62	11,92	5,70	28,7	5	82	1,5	350
MA06	3,90	2,50	12,10	0,50	0,30	0,24	1,04	13,14	13,70	41,4	8	71	1,7	200
MA07	4,00	1,80	6,70	0,60	0,50	0,08	1,18	7,88	20,20	14,8	15	60	1,2	150
MA08	4,40	1,40	6,70	0,90	0,80	0,12	1,82	8,52	1,10	22,0	21	43	1,1	350
MA09	3,80	3,40	12,10	0,30	0,20	0,13	0,63	12,73	3,20	41,4	5	84	1,5	500
MA10	3,80	5,40	16,30	0,30	0,20	0,14	0,64	16,94	6,50	40,2	4	89	1,5	250

<sup>a</sup>Soma de bases (Ca<sup>+2</sup> + Mg<sup>+2</sup> + K<sup>+</sup>)

<sup>b</sup>Capacidade de troca de cátions efetiva (SB + H<sup>+</sup> + Al<sup>+3</sup>)

<sup>c</sup>Saturação por bases

<sup>d</sup>Saturação por alumínio

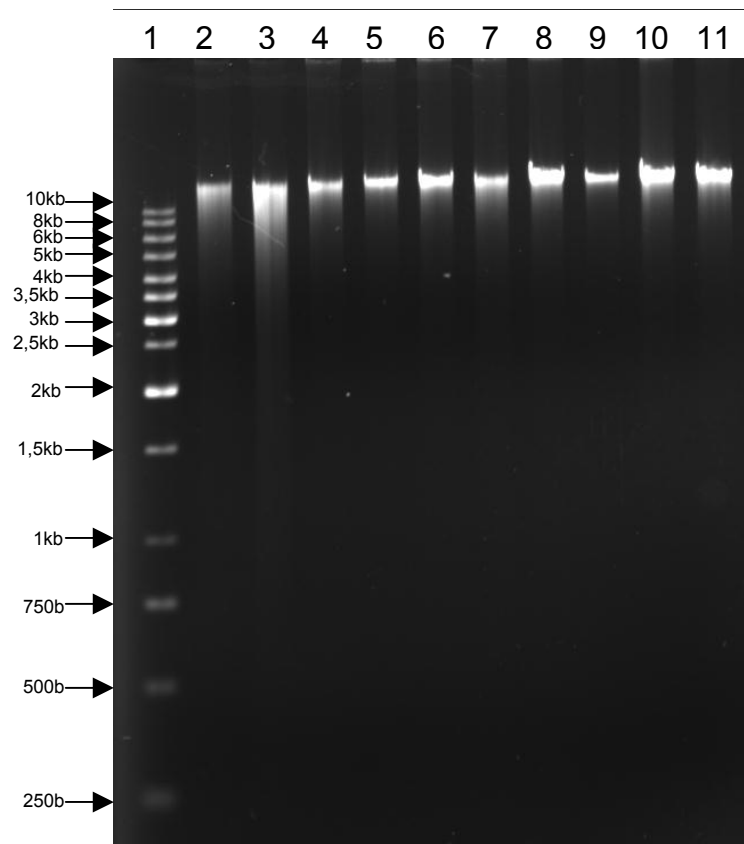
<sup>e</sup>Centímol de cargas por decímetro cúbico

## 5.2 Extração do DNA total das amostras de solo

As extrações de DNA das amostras de solo foram feitas utilizando-se o kit MoBIO UltraClean Soil DNA. O perfil eletroforético do DNA extraído (Figura 9) é semelhante ao de DNA genômico extraído de uma cultura pura e esta de acordo com o esperado. Houve variação na quantidade e fragmentação do DNA sendo que a amostra MA01 apresentou menor quantidade de material quando comparadas às outras amostras. Uma análise eletroforética em gel de agarose 0,3% permitiu avaliar o grau de degradação e fragmentação do DNA obtido (Figura 10). Pela comparação com marcador de alta massa molecular 5 kb, pode-se observar que a maioria dos fragmentos em todas as amostras estão situados entre 10 e 50 kb.

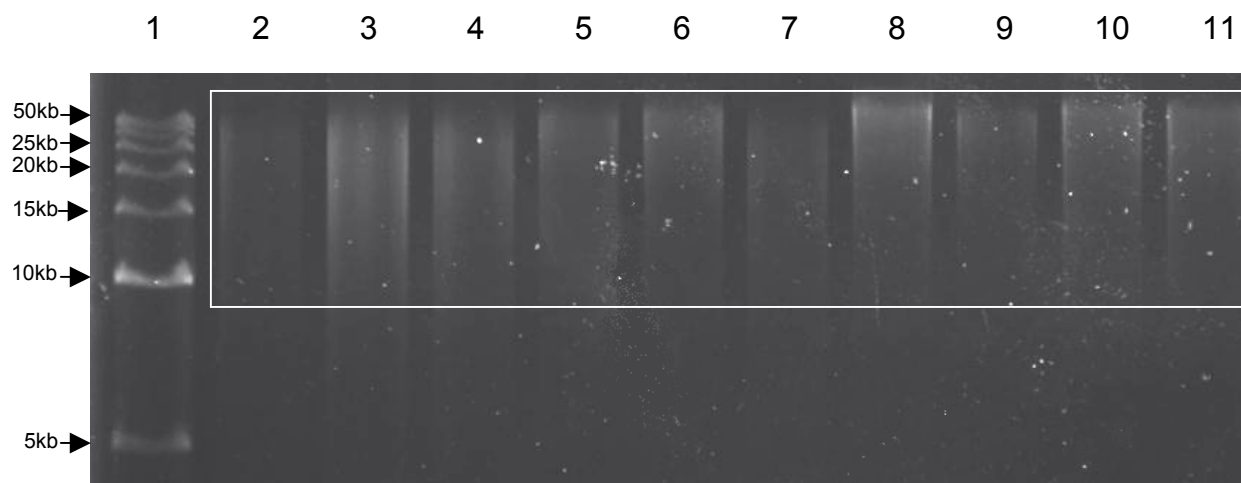
O processamento das amostras ocorreu no mesmo dia da coleta para evitar alterações na composição do ecossistema como proliferação excessiva de alguns grupos de microrganismos. Isso poderia alterar os resultados no sentido de que uma maior quantidade de DNA desses organismos estaria disponível e seria beneficiado na reação de amplificação do gene 16S. Dessa forma a representatividade da biblioteca de genes 16S rDNA a ser construída não seria fidedigna à real comunidade microbiana da amostra em questão

**FIGURA 9 – EXTRAÇÃO DE DNA DAS AMOSTRAS DE SOLO DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE**



O DNA extraído das amostras de solo (item 4.3.1) foi submetido eletroforese em gel de agarose 1%, 60 V por 2 horas. 1) Marcador de tamanho molecular GeneRuler 1kb DNA Ladder (Fermentas); 2) MA01; 3) MA02; 4) MA03; 5) MA04; 6) MA05; 7) MA06; 8) MA07; 9) MA08; 10) MA09 e 11) MA10.

**FIGURA 10 – FAIXA DE FRAGMENTAÇÃO DO DNA DE SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE**



Eletroforese em gel de agarose 0,3%, 20 V por 6 horas do DNA extraído das amostras de solo. 1) Marcador de tamanho molecular 5kb DNA Ladder (Invitrogen); 2) MA01; 3) MA02; 4) MA03; 5) MA04; 6) MA05; 7) MA06; 8) MA07; 9) MA08; 10) MA09 e 11) MA10. A região destacada pela caixa indica a maior concentração de fragmentos DNA de tamanho entre 10 e 50 kb.

### 5.3 Amplificação do gene 16S rDNA das amostras de solo

Inicialmente o DNA bruto extraído foi usado como molde para a reação de PCR sem resultados positivos. Uma reação teste com DNA controle proveniente da  $\beta$ -Proteobacteria *Herbaspirillum. seropedicae* foi realizada para verificar se estava ocorrendo inibição da enzima Taq DNA polimerase por contaminantes presentes na solução de DNA do solo. O teste foi feito adicionando-se 0,2  $\mu$ l da solução de DNA do solo ao tubo de PCR de DNA controle e verificou-se que não houve amplificação nesse tubo quando comparado com outro que não recebeu o DNA do solo (Figura 11). Devido a esse resultado o DNA bruto extraído do solo foi diluído na proporção de 1:20 visando diluir também os inibidores existentes nas amostras.

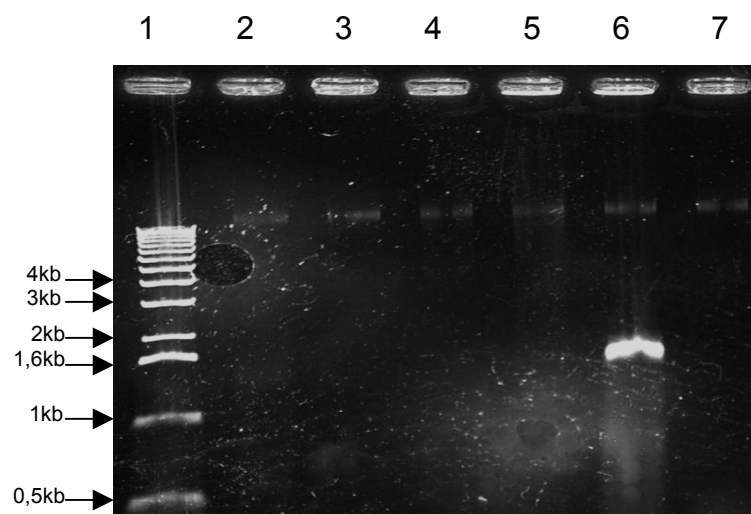
As amplificações com o par de iniciadores Y1-Y3 para cada amostra de solo geraram fragmentos de aproximadamente 1,5 kb e foram todas obtidas no mesmo experimento (Figura 12). Os produtos de PCR amplificados com o par de iniciadores 27F-1492R também geraram fragmentos de DNA de aproximadamente 1,5 kb (Figura 13), mas foram obtidos em três experimentos independentes já que foi necessário variar a concentração de DNA molde. O volume de DNA molde na reação de PCR foi aumentado para 0,5  $\mu$ l nas amostras MA03, MA04 e MA05 e para 1  $\mu$ l nas amostras MA01 e MA02. Todas as reações de amplificação geraram produtos de PCR suficiente para realização da clonagem. Em todas as reações foram feitos os controles positivos com DNA de *H. seropedicae* (iniciadores Y1-Y3) e *E. coli* (iniciadores 27F-1492R) e controles negativos sem DNA.

Por último foram feitas as amplificações com os iniciadores 21F-1392R para microrganismos do domínio Archaea usando como controle positivo DNA da Archaea halófila *Natronococcus sp.* Nesse caso não foi possível obter produto de PCR para nenhuma das amostras de solo, sendo que apenas a reação com o controle positivo gerou uma banda de aproximadamente 1400 kb (não mostrado). A ausência de produto de PCR nas reações com DNA do solo pode estar relacionado com a ausência ou baixa contagem de organismos representantes desse domínio nas amostras coletadas.

Um grande problema nos trabalhos que visam amplificar o gene 16S rDNA a partir de uma mistura de DNA genômicos de várias espécies diferentes é a formação de moléculas quimeras, ou seja, moléculas de 16S rDNA que são formadas por seqüências de mais de uma bactéria. Quando comparadas com o banco de dados, as seqüências dessas moléculas poderiam ser identificadas como uma espécie nova não classificada sugerindo a presença de um organismo inexistente. A principal causa da formação de moléculas quimera é a presença de fitas simples de DNA terminadas prematuramente, especialmente nos ciclos finais da reação de PCR, que reanelam a uma fita de DNA diferente concluindo a amplificação (PAABO, IRVIN e WILSON, 1992). Estudos realizados *in vitro*, a partir de uma mistura de DNA genômicos de oito espécies diferentes de actinomicetos, mostraram que a taxa de formação de moléculas quimera foi de 32% para uma reação de PCR com 30 ciclos, caindo para 12% para uma reação com 25 ciclos (WANG e WANG, 1997). Para minimizar a formação dessas moléculas as reações de amplificação realizadas neste trabalho foram feitas com 20 ciclos para Bacteria e 25 ciclos para Archaea.

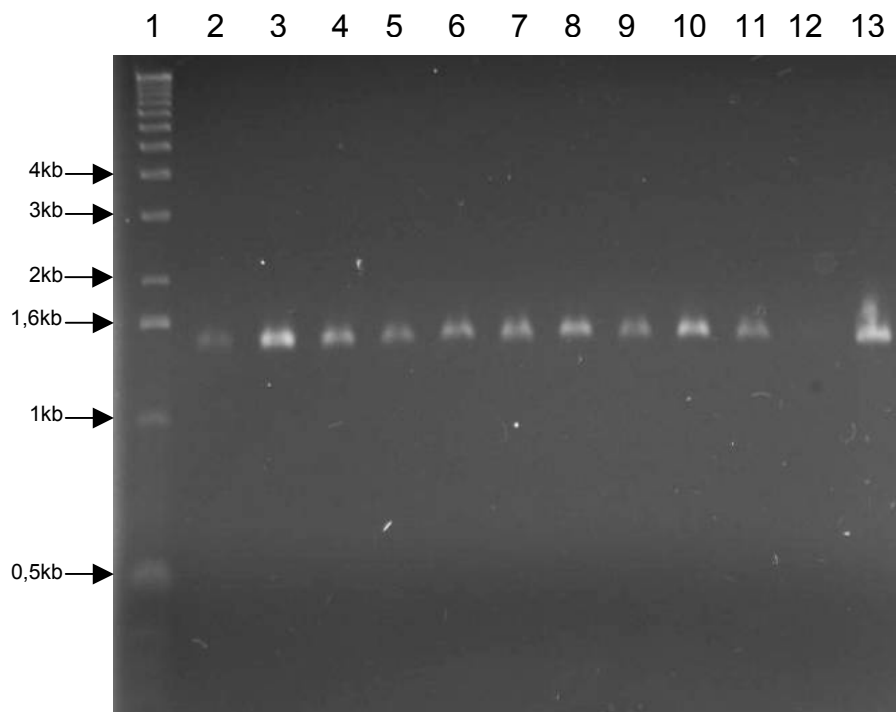


**FIGURA 11 - INIBIÇÃO DA TAQ DNA POLIMERASE PELA SOLUÇÃO DE DNA DO SOLO**



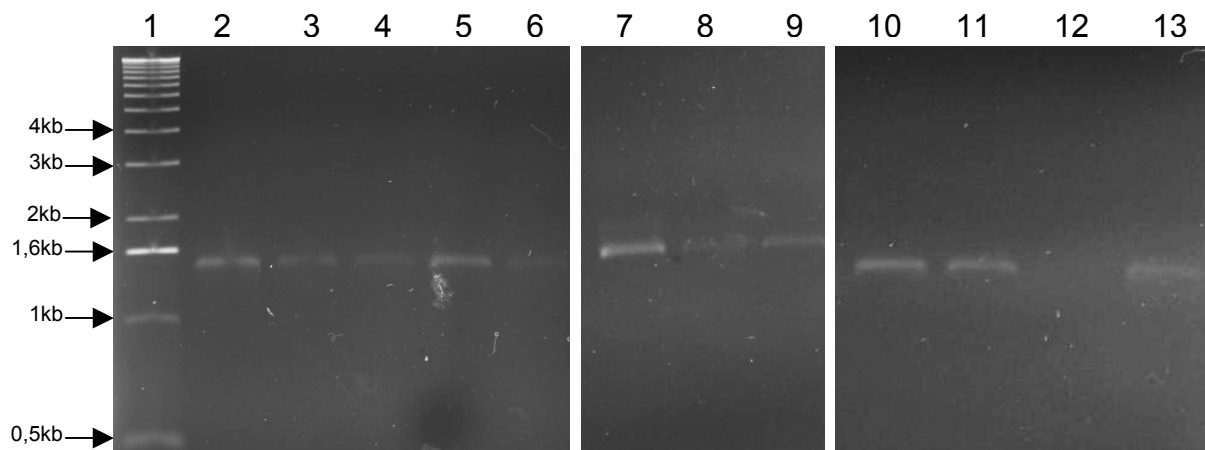
Reação de amplificação para testar a inibição da enzima Taq DNA polimerase pela solução de DNA do solo. A reação de amplificação foi conduzida segundo descrito no item 4.3.2. O produto de PCR obtido foi submetido a eletroforese em gel de ágar 1%. 1) Marcador de tamanho molecular 1kb DNA Ladder (Invitrogen); 2) DNA controle + 0,2 µl da solução de DNA MA01; 3) DNA controle + 0,2 µl da solução de DNA MA02; 4) DNA controle + 0,2 µl da solução de DNA MA03; 5) DNA controle + 0,2 µl da solução de DNA MA04; 6) Apenas DNA controle; 7) Controle negativo da reação de amplificação sem DNA.

**FIGURA 12 – AMPLIFICAÇÃO DO GENE 16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO COM OS INICIADORES Y1-Y3**



A reação de amplificação do gene 16S rDNA das amostras de solo da Mata Atlântica foi conduzida segundo descrito no item 4.3.2. O produto de PCR obtido foi submetido a eletroforese em gel de agar 1%. 1) Marcador de tamanho molecular 1kb DNA Ladder (Invitrogen); 2-11) Produto de PCR das amostras MA01 a MA10; 12) Controle negativo para reação de amplificação sem DNA; 13) Controle positivo para a reação de amplificação com DNA genômico de *H. seropedicae*.

**FIGURA 13 – AMPLIFICAÇÃO DO GENE 16S rDNA DAS AMOSTRAS DE SOLO COM OS INICIADORES 24F-1492R**



A reação de amplificação do gene 16S rDNA das amostras de solo da Mata Atlântica foi conduzida segundo descrito no item 4.3.2. O produto de PCR obtido foi submetido a eletroforese em gel de agar 1%. 1) Marcador de tamanho molecular 1kb DNA Ladder (Invitrogen); 2-11) Produto de PCR das amostras MA06, MA07, MA08, MA09, MA10, MA03, MA04, MA05, MA01 e MA02 respectivamente; 12) Controle negativo para reação de amplificação sem DNA; 13) Controle positivo para a reação de amplificação com DNA genômico de *H. seropedicae*. Os controles positivos e negativos foram feitos em todas as reações.

## **5.4 Construção da biblioteca de 16S rDNA**

Os produtos de PCR foram utilizados para construir bibliotecas de genes 16S rDNA: uma para as amplificações com os iniciadores Y1/Y3 e outra para as amplificações com os iniciadores 27F/1492R. Para cada amostra de solo amplificada com cada um dos conjuntos de iniciadores foram coletados 384 clones transformantes que foram divididos em quatro placas de petri com 96 clones cada. No total foram coletados 7680 clones (80 placas de 96 clones) divididos entre as duas bibliotecas.

Considerando-se o grande número de clones coletados foi necessário criar uma nomenclatura para organizar as bibliotecas gênicas. Essa nomenclatura seguiu o seguinte esquema: 1 ) Identificação da amostra de MA01 a MA10, 2 ) Identificação da placa coletada de P01 a P04 e 3 ) Identificação da biblioteca segundo o conjunto de iniciadores utilizados, Y1Y3 ou 27F1492R. Por exemplo: MA01-P01-27F1492R representa a primeira placa coletada da amostra MA01 amplificada com os iniciadores 27F1492R. A nomenclatura dos 96 clones em cada placa foi feita identificando as linhas de A a H e as colunas de 1 a 12.

O DNA plasmidial de 10 clones transformantes de cada amostra foi extraído e submetido à digestão com enzimas de restrição com o objetivo de confirmar se os clones possuíam ou não o inserto correspondente ao gene 16S rDNA. As enzimas *NcoI* e *SstI* foram utilizadas na análise de restrição por que seus sítios estão presentes no vetor e flanqueam o inserto permitindo a sua liberação (Apêndice 1). O perfil de restrição dos clones selecionados indicou que 90 a 80% continham o inserto correspondente ao gene 16S rDNA.

## **5.5 Sequenciamento parcial dos clones contendo o inserto de 16S rDNA**

A extração do DNA plasmidial que contém o inserto correspondente ao gene 16S rDNA e a reação de seqüenciamento do mesmo foi feita em larga escala (96 amostras por vez) utilizando-se o suporte tecnológico implantado pelo Programa Genoma do Paraná - GENOPAR.

Tendo como objetivo realizar uma análise de diversidade microbiana que compreenderia toda a extensão da Serra da Graciosa e não apenas um ponto isolado, optou-se por seqüenciar uma placa contendo 96 clones de cada amostra de solo amplificada com os iniciadores 27F/1492R. Essa biblioteca foi escolhida porque os iniciadores 27F e 1492R são considerados universais, ou seja, anelam no 16S rDNA de bactérias de praticamente todos os filos conhecidos. Estes iniciadores têm sido amplamente utilizados na análise de comunidades bacterianas de diversos ambientes, entre eles de infecções bucais (GAFAN et al., 2004), fontes quentes (HUGENHOLTZ et al., 1998<sup>a</sup>), bio-reatores (BURRELL, KELLER e BLACKALL, 2004) e solo (HENGSTMANN et al., 1999; DUNBAR, TICKNOR, KUSKE, 2000). Os iniciadores Y1/Y3, por outro lado, possuem uma maior especificidade para Proteobacterias e poderiam limitar a prospecção a esse grupo (ver adiante). Uma placa de 96 clones da biblioteca Y1Y3 foi seqüenciada a título de comparação. A listagem completa das placas selecionadas está na Tabela 6.

O seqüenciamento parcial dos clones das placas referidas acima foi feito com os iniciadores Y1 e Y2. Cada placa de clones submetidas à reação de seqüenciamento foi aplicada no mínimo duas vezes no seqüenciador automático para se obter duas leituras de cada seqüência. Somando-se a isso o seqüenciamento com os iniciadores universal (Y1) e reverso (Y2), cada clone seqüenciado possuía no mínimo quatro leituras de cada base. Isso permitiu reconstruir uma seqüência consenso confiável ao final do processo. No total foram obtidas mais de 5000 leituras entre o sequenciamento inicial do inserto de DNA dos clones, o resseqüenciamento daqueles cuja seqüência obteve baixa qualidade e a reaplicação das amostras no seqüenciador automático.

A seqüência consenso correspondente à região Y1-Y2 do gene 16S rDNA foi obtida utilizando-se os programas Phred-Phrap-Consed. A partir das dez placas seqüenciadas da biblioteca 27F1492R, foram constituídas 754 seqüências consenso (78,5%) das 960 possíveis com uma média de 75 contigs por placa, com o máximo de 83 contigs na placa MA05-P01-27F1492R e o mínimo de 69 contigs na placa MA08-P01-27F1492R. O tamanho médio desses contigs foi de

aproximadamente 286 pares de bases excluindo-se a seqüência correspondente aos iniciadores Y1 e Y2 usados na reação de seqüenciamento. A análise detalhada para cada placa seqüenciada da biblioteca 27F1492R é apresentada na Tabela 7. A partir da única placa seqüenciada da biblioteca Y1Y3 (placa MA03-P01) foram reconstituídas 62 seqüências consenso (64,5%) com um tamanho médio de 284 pares de bases. O seqüenciamento parcial é justificado uma vez que o objetivo é avaliar a biodiversidade e não realizar um estudo evolutivo detalhado. Além disso, análises filogenéticas realizadas a partir da região Y1-Y2 apresentam consenso com análises realizadas a partir da região Y1-Y3 (CRUZ et al., 2001).

O total teórico de contigs (1056 para 11 placas de 96 amostras) não foi alcançado grande parte devido à presença de clones falso-positivos nas bibliotecas. Outros fatores contribuíram para esse resultado foram seqüências curtas ou/e de baixa qualidade a partir das quais não foi possível reconstituir a seqüência consenso correspondente ao gene 16S rDNA. Todas as seqüências utilizadas na montagem dos contigs apresentaram um índice de qualidade Phred no mínimo de 20 não sendo raros valores superiores como 40 e 50. O valor de Phred 20 reflete a probabilidade de existir uma base errada a cada 100 nucleotídeos.

**TABELA 6 – PLACAS DE CLONES TRANSFORMANTES SELECIONADAS  
PARA SEQUENCIAMENTO**

AMOSTRA	PLACA	BIBLIOTECA
MA01	P01	24F1492R
MA02	P03	24F1492R
MA03	P04	24F1492R
MA04	P01	24F1492R
MA05	P01	24F1492R
MA06	P01	24F1492R
MA07	P01	24F1492R
MA08	P01	24F1492R
MA09	P01	24F1492R
MA10	P01	24F1492R
MA03	P01	Y1Y3

**TABELA 7 - NÚMERO E TAMANHO MÉDIO DOS CONTIGS RECUPERADOS  
DA BIBLIOTECA 27R1492R**

AMOSTRA	N DE CONTIGS OBTIDOS	TAMANHO MÉDIO DOS CONTIGS (pb)
MA01-P01-27F1492R	77	289,7
MA02-P03-27F1492R	78	284,8
MA03-P04-27F1492R	70	286,4
MA04-P01-27F1492R	75	288,4
MA05-P01-27F1492R	83	287,7
MA06-P01-27F1492R	80	284,9
MA07-P01-27F1492R	71	283,1
MA08-P01-27F1492R	69	286,4
MA09-P01-27F1492R	81	284,4
MA10-P01-27F1492R	70	282,8
MÉDIA	75,4	285,8



## 5.6 Comparação dos contigs reconstituídos com o banco de dados RDP II

As seqüências dos 816 contigs obtidos foram comparados com o banco de dados de seqüências de 16S rDNA do RDP II através dos programas *Classifier* e *Sequence Match*. Apesar de ambos realizarem a comparação de seqüências e usarem um índice de confiabilidade baseado na estatística Baesyana, os programas possuem uma diferença fundamental. Enquanto o *Sequence Match* realiza a comparação com o banco de dados completo, incluindo seqüências de 16S de organismos ainda não classificados ou descritos, o *Classifier* realiza a comparação com o banco de dados que contém seqüências de 16S rDNA de organismo já descritos, ou seja, que possuem uma sólida análise taxonômica. Devido a essas características, os resultados obtidos pelo programa *Classifier* devem ser vistos como um indicativo de que a seqüência submetida pertence ou esta relacionada com o grupo em questão, e os resultados de comparação do *Sequence Match* devem ser interpretados como os mais próximos da realidade.

Os índices de confiabilidade dos programas são tanto maiores quanto mais altos os níveis taxonômicos. Isso torna os resultados das comparações obtidos em nível de filo mais confiáveis do que aqueles obtidos em quaisquer outros níveis. Desse modo, as análises apresentadas foram focadas em sua maioria nos filios encontrados em cada amostra, sendo que apenas para o filo Proteobacteria a análise englobou também suas Classes  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$  e  $\delta$ . Os resultados completos da comparação das seqüências da biblioteca 27F1492R obtidas com o programa *Classifier*, incluindo na íntegra as descrições de confiabilidade em cada nível taxonômico, são apresentadas no Apêndice 5. O resultado completo da comparação de todas as seqüências da biblioteca 27F1492R através do programa *Sequence Match* são apresentadas no Apêndice 6. Esse resultado inclui o nome da seqüência que foi submetida, a identificação do filo quando possível, a identificação do último nível taxonômico com o qual obteve-se similaridade quando possível, o número da seqüência no banco de dados do RDP II, o índice de similaridade de 0 a 1 e nome completo da seqüência com a qual foi encontrada

similaridade. O mesmo tipo de resultado obtido para as seqüências da biblioteca Y1Y3 estão reproduzidos no Apêndice 7 (programa *Classifier*) e Apêndice 8 (programa *Sequence Match*)

As seqüências que obtiveram uma pontuação de confiabilidade baixa com ambos os programas são provavelmente seqüências de genes 16S rDNA inéditas e, por conseqüência, indicam a presença de novos organismos nessas amostras de solo que ainda não estão nos bancos de dados.

### **5.7 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca 27F1492R com o banco de dados RDP II pelo do programa *Classifier***

A classificação taxonômica utilizada pelo programa *Classifier* segue a proposta do Manual *Bergey's Trust* que reconhece os níveis taxonômicos (em ordem decrescente) Domínio, Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero e Espécie. Todas as 754 seqüências obtidas da biblioteca 27F1492R pertencem ao Domínio Bacteria com 100% de confiança. Estas seqüências estão distribuídas entre 11 filios, 14 classes, 36 ordens, 61 famílias e 124 gêneros. Em nível de filo, as Proteobacterias foram dominantes em todas as amostras de solo representando aproximadamente 64% do total. Ainda, dentro do filo Proteobacteria, as Classes  $\alpha$  e  $\delta$  foram as mais representativas. O segundo filo mais encontrado foi o das Acidobacterias com 28% do total, tendo a amostra MA07 apresentado o maior número de representantes desse filo e o menor número de Proteobacterias quando comparado às outras amostras de solo. Os outros Filios encontrados foram: Actinobacteria (1,8%), Bacterioidetes (1,3%), Cyanobacteria (0,3%), Deinococcus-Thermus (0,7%), Firmicutes (4,1%), Gemmatimonadetes (1,8%), Nitrospira (0,4%), Verrucomicrobia (0,9%) e um representante do filo candidato OP10 (0,3%). Esses resultados estão resumidos na Tabela 8.

Como era esperado, a maioria das seqüências consenso comparadas apresentaram um índice de confiabilidade abaixo de 80% (Figura 14). Deve-se isso ao fato do programa *Classifier* realizar as comparações com seqüências de 16S rDNA de bactérias já isoladas e descritas, geralmente estirpe

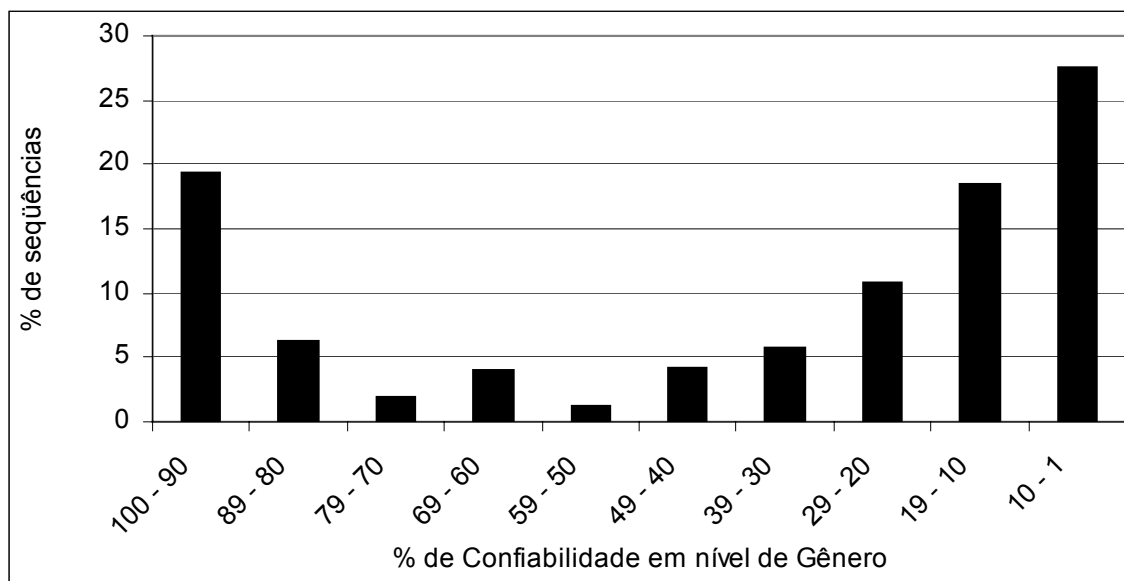
tipo, mas que constituem a minoria das seqüências de 16S rDNA depositadas no banco de dados. Na versão 9.33 o RDP II dispunha de 190.785 seqüências de 16S rDNA sendo que apenas 4.408 são oriundas de espécies de bactérias estirpe tipo isoladas. Assim, considerando-se que cerca de 99% das bactérias ainda são desconhecidos e que o trabalho foi realizado com amostras ambientais, esse resultado é compreensível. Cerca de 28% das seqüências obtiveram índices altamente confiáveis em nível de Gênero que ficaram entre 80 e 100% (Tabela 9).

**TABELA 8 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE, BIBLIOTECA 27F1492R, COM O PROGRAMA CLASSIFIER**

FILO	AMOSTRAS DE SOLO										TOTAL
	MA01	MA02	MA03	MA04	MA05	MA06	MA07	MA08	MA09	MA10	
Acidobacteria	10	16	18	14	18	25	29	18	19	18	179
Actinobacteria	1	1	-	6	-	2	-	-	1	3	14
Bacterioidetes	-	1	1	3	-	1	-	3	1	1	10
Cyanobacteria	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
Deinococcus-Thermus	-	-	2	1	1	-	-	-	1	-	5
Firmicutes	6	5	2	2	5	2	3	1	3	2	31
Gematinonadetes	2	-	2	-	6	-	2	1	1	-	14
OP10	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1
Nitrospira	-	-	2	-	-	-	1	-	-	-	3
Verrucomicrobia	3	-	1	1	2	-	-	-	-	-	7
Proteobacteria	55	55	41	47	51	50	36	46	54	46	481
$\alpha$ -Proteobacteria	22	21	17	14	18	22	15	16	27	21	193
$\beta$ -Proteobacteria	9	6	-	5	6	3	3	2	6	1	41
$\gamma$ -Proteobacteria	8	9	5	8	8	8	5	8	8	9	74
$\delta$ -Proteobacteria	16	19	19	20	19	17	13	20	13	15	165
TOTAL	77	78	70	75	83	80	71	69	81	70	754

As 754 seqüências consenso obtidas da biblioteca 27F1492R foram comparadas com o banco de dados do RDP II através programa *Classifier* (Item 4.7.2). Esse programa realiza as comparações das seqüências com uma fração do banco de dados limitada a espécies de bactérias estirpe tipo e isoladas fornecendo um posicionamento taxonômico inicial para a seqüência analisada. Na versão 9.33 o RDP II dispunha de 4.408 seqüências com essas características.

**FIGURA 14 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQÜÊNCIAS ANÁLISADAS PELO PROGRAMA CLASSIFIER EM RELAÇÃO À % DE CONFIABILIDADE EM NÍVEL DE GÊNERO.**



O programa *Classifier* (Item 4.7.2) fornece um índice em porcentagem que reflete a confiabilidade do resultado, ou seja, da seqüência submetida pertencer a determinado nível taxonômico. Aqui as seqüências consenso submetidas foram agrupadas em intervalos de confiabilidade para identificação do gênero de acordo com o resultado da comparação com o banco de dados pelo programa *Classifier*.

**TABELA 9 - SEQUÊNCIAS QUE OBTIVERAM OS MAIORES ÍNDICES DE CONFIABILIDADE NA COMPARAÇÃO PELO PROGRAMA *CLASSIFIER***

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA01-P01-E05	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Burkholderia	100%
MA05-P01-G06	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Ralstonia	100%
MA06-P01-F01	Actinobacteria	100% Actinobacteria	100% Rubrobacterales	100% Rubrobacteraceae	100% Conexibacter	100%
MA10-P01-H02	Actinobacteria	100% Actinobacteria	100% Actinomycetales	100% Propionibacteriaceae	100% Propionibacterium	100%
MA10-P01-A04	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA10-P01-E07	Proteobacteria-Beta	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Burkholderia	100%
MA10-P01-H01	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA10-P01-H02	Actinobacteria	100% Actinobacteria	100% Actinomycetales	100% Propionibacteriaceae	100% Propionibacterium	100%
MA02-P03-D10	Bacteroidetes	99% Sphingobacteria	99% Sphingobacteriales	99% Crenotrichaceae	99% Chitinophaga	99%
MA02-P03-A05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	98% Hyphomicrobiaceae	98% Rhodoplanes	98%
MA05-P01-D07	Gemmatimonadetes	98% Gemmatimonadetes	98% Gemmatimonadales	98% Gemmatimonadales	98% Gemmatimonas	98%
MA08-P01-B09	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Sphingomonadales	99% Sphingomonadaceae	99% Novosphingobium	95%
MA03-P04-A11	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	97% Hyphomicrobiaceae	94% Rhodoplanes	94%
MA04-P01-F01	Proteobacteria	100% Deltaproteobacteria	100% Myxococcales	100% Cystobacteraceae	100% Melittangium	93%
MA10-P01-F10	Proteobacteria-Alfa	100% Alphaproteobacteria	100% Caulobacterales	100% Caulobacteraceae	100% Caulobacter	93%
MA07-P01-A06	Nitrospira	91% Nitrospira	91% Nitrospirales	91% Nitrospiraceae	91% Nitrospira	91%
MA09-P01-F07	Proteobacteria-Gama	100% Gammaproteobacteria	100% Xanthomonadales	100% Xanthomonadaceae	100% Stenotrophomonas	91%
MA03-P04-G09	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Bradyrhizobiaceae	97% Afipia	90%
MA05-P01-F05	Proteobacteria	95% Deltaproteobacteria	95% Myxococcales	95% Cystobacteraceae	93% Archangium	89%
MA06-P01-F10	Proteobacteria	97% Gammaproteobacteria	91% Oceanospirillales	86% Hahellaceae	85% Zooshikella	85%
MA07-P01-B03	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	96% Xanthomonadales	94% Xanthomonadaceae	94% Pseudoxanthomonas	80%
MA05-P01-C01	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	98% Oxalobacteraceae	85% Duganella	78%
MA01-P01-C05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	98% Pedomicrobium	77%
MA03-P04-H09	Proteobacteria	97% Alphaproteobacteria	94% Rhizobiales	91% Methylocystaceae	81% Methylocystis	76%
MA04-P01-G10	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	95% Burkholderiales	76% Incertaesedis	75% Schlegelella	74%

Os valores de porcentagem refletem a probabilidade das sequências analisadas pertencerem a cada um dos 5 níveis taxonômicos individualmente. Gêneros repetidos não são mostrados. Classificação segundo o Manual *Bergey's Turst*.

## **5.8 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca 27F1492R com o banco de dados RDP II pelo do programa *Sequence Match***

As seqüências consenso de 16S rDNA também foram comparadas com o banco de dados do RDP II através do programa *Sequence Match*. Esse programa realiza a comparação através uma estratégia de busca por palavras que é mais precisa do que o programa BLAST (ALTSCHUL et al., 1997) para encontrar seqüências relacionadas de 16S rDNA (COLE et al., 2005). A pesquisa é feita no banco de dados de seqüências de 16S rDNA completo que engloba todas as seqüências, sejam elas de bactérias isoladas e caracterizadas ou seqüências provindas de amostras ambientais. Na versão 9.33 o RDP II dispunha de 190.785 seqüências de 16S rDNA.

As bactérias do filo Acidobactéria representaram 49% do total de seqüências sendo dominantes em todas as amostras. As do filo Proteobactérias vem em seguida com 26%, sendo que a classe das  $\alpha$ -Proteobacteria foi a mais representada. As outras classes apresentaram uma distribuição diversificada, sendo que nas amostras MA01 e MA05 não foi encontrado nenhum representante das  $\gamma$ -Proteobacteria. Representantes de dois filios de organismos termofílicos também foram encontrados: o filo Thermomicrobia (0,5%) nas amostras MA04, MA05, MA08 e MA09 e o filo Thermotogae (0,13%) na amostra MA04. Dois organismos do filo candidato OP10 (0,26%), também termofílico, foram encontrados nas amostras MA08 e MA09. Na amostra MA01 foram identificados 2 representantes do filo candidato SPAM (0,26%). Os outros filios encontrados foram Actinobacteria (2,1%), Bacterioidetes (1,7%), Cyanobacteria (0,4%), Firmicutes (2,1%), Gemmatimonadetes (2,8%), Nitrospira (0,4%) e Verrucomicrobia (0,6%). Aproximadamente 14% das seqüências foram identificadas como bactérias não classificadas, ou seja, elas apresentam algum grau de similaridade com seqüências de 16S rRNA de bactérias que estão no banco de dados, mas que ainda não foram classificadas. Geralmente essas seqüências provem de análises de amostras ambientais semelhantes as que foram realizadas nesse trabalho. Isso

reforça a idéia de que o mundo microbiano ainda é pouco conhecido. Todos esses resultados são apresentados na Tabela 10.

Na análise realizada pelo programa Sequence Match não existe um índice de confiabilidade em porcentagem para cada nível taxonômico como no programa *Classifier*, mas sim um índice de similaridade (Item 4.7.2). Em geral os índices de similaridade encontrados foram altos, sendo que aproximadamente 60% das seqüências obtiveram um índice entre 1,0 e 0,8 (Figura 15). Alguns resultados da comparação de seqüências com o banco de dados que obtiveram os melhores índices de similaridade são apresentados na Tabela 11. Para algumas seqüências foi possível até mesmo determinar a espécie a qual ela pertence.

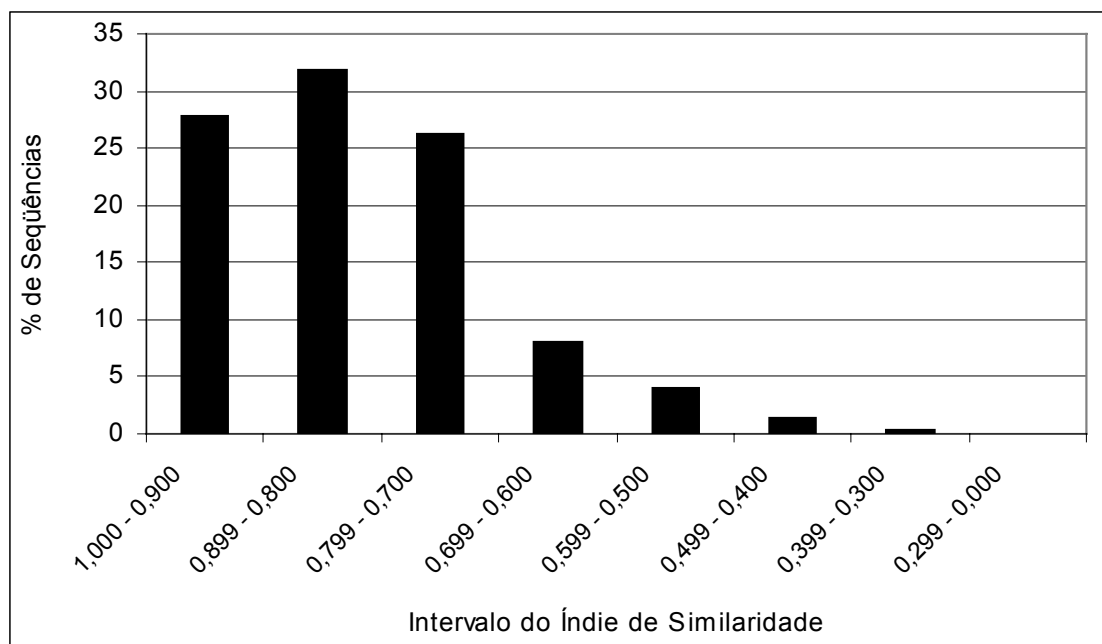


**TABELA 10 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE, BIBLIOTECA 27F1492R, COM O PROGRAMA *SEQUENCE MATCH*.**

FILO	AMOSTRAS DE SOLO										TOTAL
	MA01	MA02	MA03	MA04	MA05	MA06	MA07	MA08	MA09	MA10	
Acidobacteria	32	37	40	29	40	38	45	35	39	30	361
Actinobacteria	1	3	-	3	-	2	2	-	1	4	16
Bacterioidetes	-	1	2	1	-	2	-	3	3	1	13
Cyanobacteria	1	-	-	-	-	-	1	1	-	-	3
Firmicutes	1	2	1	2	3	3	1	2	1	-	16
Gematinonadetes	3	2	2	1	7	-	2	1	1	2	21
Nitrospira	-	-	2	-	-	-	1	-	-	-	3
OP10	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	2
Proteobacteria	28	27	15	22	19	18	15	18	18	18	198
$\alpha$ -Proteobacteria	16	14	10	11	7	7	8	7	10	13	103
$\beta$ -Proteobacteria	8	6	1	5	7	4	3	3	4	2	44
$\gamma$ -Proteobacteria	-	5	1	1	-	2	3	1	3	1	17
$\delta$ -Proteobacteria	4	2	3	5	5	5	1	7	1	2	34
SPAM	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
Thermomicrobia	-	-	-	1	1	-	-	1	1	-	4
Thermotogae	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Verrucomicrobia	-	-	2	-	-	3	1	-	-	-	6
Não Classificadas	9	6	6	15	13	14	4	7	16	15	105
TOTAL	77	78	70	75	83	80	71	69	81	70	754

As 754 seqüências consenso obtidas da biblioteca 27F1492R foram comparadas com o banco de dados do RDP II através programa *Sequence Match* (Item 4.7.2). Esse programa realiza as comparações com o banco de dados completo que inclui seqüências de 16S rDNA de bactéria isoladas e seqüências providas de estudos ambientais nos quais o organismo não foi identificado. Na versão 9.33 o banco de dados completo do RDP II dispunha de 190.785 sequencias de 16S rDNA

**FIGURA 15 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQUENCIAS ANALISADAS PELO PROGRAMA *SEQUENCE MATCH* EM RELAÇÃO À SIMILARIDADE ENCONTRADA NO BANCO DE DADOS.**



O programa *Sequence Match* (Item 4.7.2) fornece um índice que reflete similaridade entre a sequência submetida e as sequências depositadas no banco de dados. Esse índice varia entre 1 (sequências idênticas) e 0 (sequências totalmente diferentes). Aqui as sequências consenso submetidas foram agrupadas em intervalos de similaridade de acordo com o resultado da comparação com o banco de dados pelo programa *Sequence Match*.



**TABELA 11- SEQÜÊNCIAS QUE OBTIVERAM OS MAIORES ÍNDICES DE SIMILARIDADE**

continua

CLONE	FILO	ÚLTIMO NÍVEL TAXONÔMICO	SIML.	NOME COMPLETO
MA10-P01-H02	Actinobacteria	Propionibacterium	1,000	Propionibacterium acnes LIP4 Y12288
MA05-P01-G06	Proteobacteria-Beta	Ralstonia	1,000	Ralstonia pickettii E1625 X70348
MA01-P01-E05	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	1,000	Burkholderia pyrrocinia R13058 AJ440714
MA02-P03-H03	unclassified_Bacteria	-	0,946	Actinomycetales MC 101 X68469
MA09-P01-F07	Proteobacteria-Gama	Stenotrophomonas	0,931	Stenotrophomonas maltophilia LMG 10879 AJ131903
MA10-P01-F10	Proteobacteria-Alfa	Brevundimonas	0,900	Brevundimonas diminuta LMG 2337 AJ227779
MA02-P03-A01	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	0,900	Burkholderia sp. DV25 AY117589
MA08-P01-B09	Proteobacteria-Alfa	Novosphingobium	0,847	Novosphingobium pentaromativorans US6-1 AF502400
MA04-P01-G10	Proteobacteria-Beta	Schlegelella	0,728	Schlegelella thermodepolymerans (T) K14 AY152824
MA01-P01-E03	unclassified_Bacteria	-	1,000	uncultured Acidobacteria bacterium S36.08SM AF431458
MA03-P04-G01	unclassified_Bacteria	-	1,000	uncultured soil bacterium RFS-C254 DQ154568
MA04-P01-G05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	1,000	uncultured alpha proteobacterium C31.02SM AF431140
MA05-P01-B01	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	1,000	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA05-P01-G10	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	1,000	uncultured alpha proteobacterium NMW3.202WL AY043743
MA01-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	1,000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA07-P01-B09	Acidobacteria	Acidobacterium	0,981	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA02-P03-C02	Proteobacteria-Gama	unclassified_Xanthomonadaceae	0,975	uncultured bacterium MNM-Mc-14 AY309114
MA08-P01-C11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	0,975	uncultured soil bacterium RFS-C39 DQ154367
MA09-P01-B09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Hyphomicrobiaceae	0,973	uncultured bacterium BM89MF5BH8 AF365535
MA09-P01-D05	unclassified_Bacteria	-	0,972	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA09-P01-D01	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	0,961	uncultured bacterium CC24 DQ136131
MA06-P01-F06	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	0,955	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA01-P01-D10	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	0,949	uncultured soil bacterium 592-1 AY326597
MA03-P04-C05	Proteobacteria-Alfa	Bradyrhizobium	0,949	uncultured bacterium 1700-7 AY425767
MA06-P01-A12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Bradyrhizobiaceae	0,949	uncultured bacterium B06R AY395100
MA08-P01-B12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	0,947	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA01-P01-G10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Hyphomicrobiaceae	0,946	uncultured bacterium OT150 AY387349
MA10-P01-G04	Proteobacteria-Gama	unclassified_Oceanospirillales	0,943	uncultured eubacterium WR802 AJ292883
MA04-P01-C03	unclassified_Bacteria	-	0,937	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA04-P01-H11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Caulobacteraceae	0,923	uncultured alpha proteobacterium C46.95PG AF431188
MA09-P01-H11	Proteobacteria-Gama	Rhodanobacter	0,916	uncultured gamma proteobacterium G22022 AB011749

CLONE	FILO	ÚLTIMO NÍVEL TAXONÔMICO	SIML.	NOME COMPLETO
MA03-P04-G07	Proteobacteria-Delta	unclassified_Deltaproteobacteria	0,916	uncultured soil bacterium 293-1 AY326617
MA09-P01-A09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Methylocystaceae	0,906	uncultured bacterium 1700-6 AY425766
MA04-P01-G03	unclassified_Bacteria	-	0,904	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA03-P04-H09	Proteobacteria-Alfa	Methylocystis	0,902	uncultured eubacterium JU12 AY921520
MA04-P01-B03	unclassified_Bacteria	-	0,901	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA03-P04-G09	Proteobacteria-Alfa	Afipia	0,891	uncultured Bradyrhizobium sp. cloRDL-28 AY834351
MA07-P01-B04	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	0,884	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA05-P01-C12	Firmicutes	unclassified_Firmicutes	0,879	uncultured bacterium 1894a-17 AY917549
MA10-P01-A09	Bacteroidetes	Chitinophaga	0,876	uncultured bacterium MIZ31 AB179522
MA01-P01-C05	Proteobacteria-Alfa	Pedomicrobium	0,875	uncultured bacterium 1700a2-32 AY917298
MA06-P01-F01	Actinobacteria	Conexibacter	0,865	uncultured earthworm cast bacterium c266 AY154617
MA05-P01-D12	Proteobacteria-Alfa	Hyphomicrobium	0,860	uncultured bacterium AKAU3476 DQ125515
MA07-P01-F06	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Acetobacteraceae	0,844	Proteobacteria MC 106 X68471
MA07-P01-D12	Proteobacteria-Gama	unclassified_Chromatiales	0,843	uncultured soil bacterium Tc120-B03 AY242718
MA10-P01-F05	Proteobacteria-Alfa	Methylosinus	0,842	uncultured bacterium 3 AY491554
MA05-P01-D04	Proteobacteria-Beta	Schlegelella	0,838	uncultured beta proteobacterium KCM-C-36 AJ581621
MA05-P01-F05	Proteobacteria-Delta	Archangium	0,828	uncultured delta proteobacterium DELTA3 AY494620
MA05-P01-C04	Proteobacteria-Alfa	Caulobacter	0,820	uncultured alpha proteobacterium N42.49PG AF431182
MA02-P03-D03	Proteobacteria-Beta	unclassified_Incertae sedis	0,815	uncultured bacterium G06 AF407697

Os valores do índice de similaridade (SIML) refletem similaridade entre a sequência submetida e a seqüências depositada no banco de dados. São apresentados o primeiro nível taxonômico (FILO) e o último nível taxonômico com o qual foi encontrada similaridade. Seqüências similares a organismos não classificados também são apresentadas. Gêneros repetidos não são mostrados. Classificação segundo o Manual *Bergey's Turst*.

## 5.9 Comparação das seqüências parciais de 16S rDNA da biblioteca Y1Y3 com o banco de dados RDP II

As seqüências dos 62 contigs obtidos da placa MA03-P01-Y1Y3, pertencentes à biblioteca construída a partir das amplificações com os iniciadores Y1 e Y3, também foram comparados com o banco de dados do RDP II pelos programas *Classifier* (Apêndice 5) e *Sequence Match* (Apêndice 6).

Na comparação feita com o programa *Classifier* as Proteobacterias foram dominantes com 75% das seqüências, seguidas pelas Acidobacterias com apenas 13%. Os outros Filos encontrados foram Deinococcus-Thermus, Firmicutes, Gemmatimonadetes, e Nitrospira (Tabela 12). A mesma dominância das Proteobacterias foi encontrada na comparação das seqüências através do programa *Sequence Match*, mas menos pronunciada com aproximadamente 50%. O filo Acidobacteria representou aproximadamente 22% das seqüências. Os outros filios encontrados foram Gemmatimonadetes (1,6%) e Nitrospira (1,6%) (Tabela 12).

Os resultados de confiabilidade em nível de Gênero gerados pelo programa *Classifier* e de similaridade gerados pelo programa *Sequence Match* obtiveram um perfil semelhante àqueles observados para a biblioteca 27F1492R. Com o programa *Classifier* a maioria das seqüências obteve uma confiabilidade que ficou abaixo dos 80% (Figura 16A). Já quando as seqüências foram comparadas com o banco de dados através do programa *Sequence Match*, 66% das seqüências obtiveram um índice de similaridade superior a 0,800 (Figura 16B).

A comparação entre os resultados obtidos com o programa *Sequence Match* para as bibliotecas 27F1492R e Y1Y3 na amostra de solo MA03 indica que o número de representantes do filo Proteobacteria foi menor na primeira (20% das seqüências) em relação à última (50% das seqüências). Além disso, não foi constatada a presença dos Filos Bacterioidetes, Firmicutes e Verrucomicrobia entre as seqüências da biblioteca Y1Y3. Isso pode estar relacionado às características de cada conjunto de iniciador e reforça a idéia de que os iniciadores Y1Y3 possuem uma especificidade maior para o grupo das Proteobacterias.

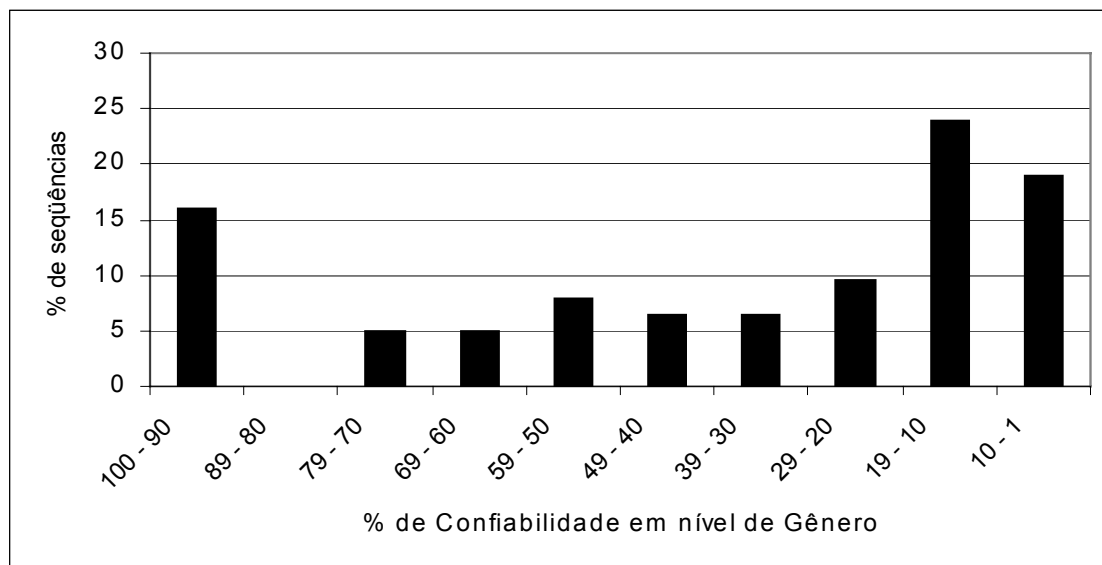
**TABELA 12 - FILOS BACTERIANOS ENCONTRADOS EM SOLOS DA MATA ATLÂNTICA PARANAENSE IDENTIFICADOS NA BIBLIOTECA Y1Y3**

<b>MA03-P01-Y1Y3</b>		
<b>FILO</b>	<b>CLASSIFIER</b>	<b>SEQUENCE MATCH</b>
Acidobacteria	8	14
Deinococcus-Thermus	2	-
Firmicutes	3	-
Gemmatimonadetes	1	1
Nitrospira	1	1
Proteobacteria	47	31
<i>α-Proteobacteria</i>	13	9
<i>β-Proteobacteria</i>	7	5
<i>δ-Proteobacteria</i>	15	3
<i>γ-Proteobacteria</i>	12	14
TM6	-	2
Não Classificada	-	13
<b>TOTAL</b>	<b>62</b>	<b>62</b>

As 62 seqüências consenso obtidas da biblioteca Y1Y3 foram comparadas com o banco de dados do RDP II através dos programas *Classifier* e *Sequence Match* (Item 4.7.2). O programa *Classifier* realiza a comparação com uma porção limitada do banco de dados (4.408 seqüências) enquanto que o programa *Sequence Match* realiza a comparação com o banco de dados completos (190.785 seqüências)

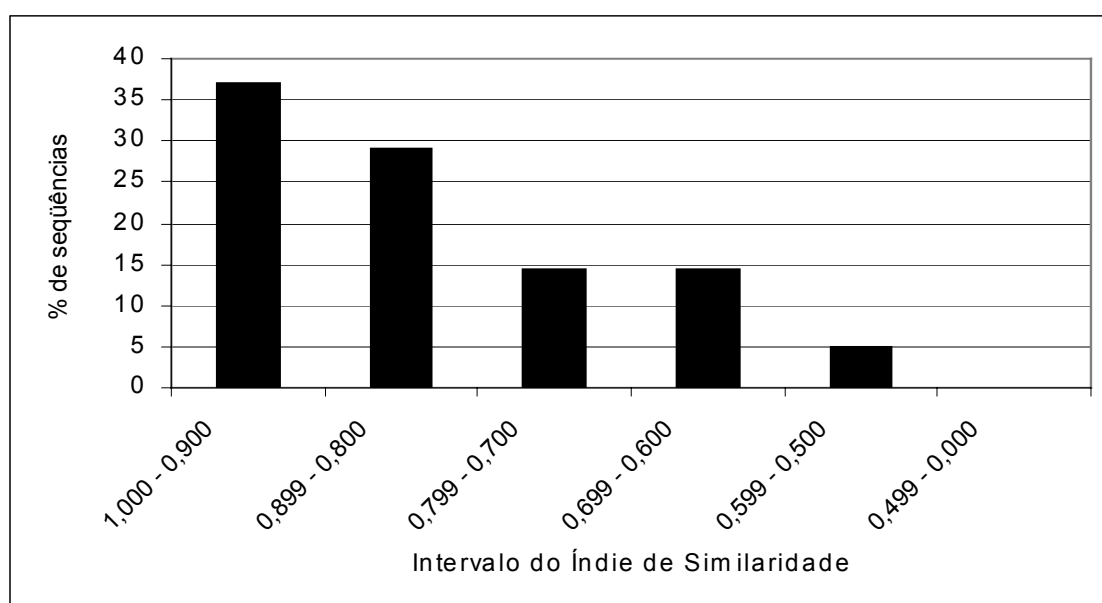
**FIGURA 16 - DISTRIBUIÇÃO DAS SEQÜÊNCIAS EM RELAÇÃO À SIMILARIDADE ENCONTRADA NO BANCO DE DADOS.**

a) Programa *Classifier*



O programa *Classifier* (Item 4.7.2) fornece um índice em porcentagem que reflete a confiabilidade do resultado, ou seja, da seqüência submetida pertencer a determinado nível taxonômico. As seqüências consenso submetidas foram agrupadas em intervalos de confiabilidade para identificação do gênero de acordo com o resultado da comparação com o banco de dados pelo programa *Classifier*.

b) Programa *Sequence Match*



O programa *Sequence Match* (Item 4.7.2) fornece um índice que reflete similaridade entre a seqüência submetida e as seqüências depositadas no banco de dados. Esse índice varia entre 1 (seqüências idênticas) e 0 (seqüências totalmente diferente). As seqüências consenso submetidas foram agrupadas em intervalos de similaridade de acordo com o resultado da comparação com o banco de dados pelo programa *Sequence Match*.



**TABELA 13 - COMPARAÇÃO ENTRE OS RESULTADOS OBTIDOS COM O PROGRAMA *SEQUENCE MATCH* PARA A AMOSTRA MA03 DAS BIBLIOTECAS 27F1492R E Y1Y3**

<b>PROGRAMA <i>SEQUENCE MATCH</i></b>		
<b>FILO</b>	<b>MA03-P04-27F1492R</b>	<b>MA03-P01-Y113</b>
Acidobacteria	40	14
Bacterioidetes	2	-
Firmicutes	1	-
Gematinonadetes	2	1
Nitrospira	2	1
Proteobacteria	15	31
<i>α-Proteobacteria</i>	10	9
<i>β-Proteobacteria</i>	1	5
<i>δ-Proteobacteria</i>	3	3
<i>γ-Proteobacteria</i>	1	14
TM6	-	2
Verrucomicrobia	2	-
Não Classificadas	6	13
<b>TOTAL</b>	<b>70</b>	<b>62</b>

### **5.10 Determinação do índice de diversidade Shannon-Weaver para as amostras de solo**

A diversidade é um conceito chave em Ecologia. Sua quantificação é fundamental para analisar fenômenos como sucessão, colonização e resposta a distúrbios. O índice de diversidade Shannon-Weaver é um dos mais usados na macroecologia e, mais recentemente, tem sido amplamente utilizado na microecologia ambiental. Através dele é possível avaliar o impacto que contaminantes químicos, diferentes tipos de manejos e desmatamentos causam na comunidade bacteriana do solo.

O número de espécies (segundo o critério de 95% de similaridade) encontradas em cada amostra foi diferente, sendo que as amostras MA01 e MA02 apresentaram a maior riqueza de espécies, respectivamente 67 e 65 seqüências únicas. Nessas duas amostras foram também encontrados os maiores valores do índice Shannon-Weaver: 4,08 para a MA01 e 4,12 para a MA02. Nas outras amostras a riqueza de espécies e o índice Shannon foram menores, mas nenhuma redução sensível foi encontrada, sendo o menor índice  $H = 3,57$  da amostra MA08. Solos provenientes de cultivo agrícola, desmatamento e contaminados com produtos químicos apresentam índices de diversidade muito inferiores a esses, geralmente em torno de  $H = 1,0$  (SMIT et al., 2001; IBEKWE et al., 2001).

O valor próximo de 1 encontrado para o índice de distribuição das espécies (E) indica que há uma distribuição similar dos indivíduos entre as espécies. Apenas nas amostras MA05 e MA06 esse valor ficou abaixo de 0,9 indicando que algumas seqüências estiveram mais presentes do que outras na amostra. Todos esses resultados são apresentados na Tabela 14.

SESSISTSCH e colaboradores (2001) propuseram que a diversidade está relacionada com o tamanho da partícula e com o pH do ambiente, sendo que, quanto maior o tamanho da partícula e menor o pH, menor é a diversidade. Mas isso não parece ser o que acontece nos solos da Mata Atlântica. A amostra MA01 apresentou  $pH = 4,0$  e 475 g/kg de argila, e a amostra MA02 apresentou  $pH = 3,70$  e 150 g/kg de argila (Tabela 5). No entanto não houve perda de diversidade da amostra com o aumento do tamanho da partícula do solo, já que na amostra MA01  $H = 4,08$  e na amostra

MA02  $H=4,12$ . Nesse caso, a amostra que possui a menor fração de argila apresenta a maior diversidade.

**TABELA 14 - ÍNDICES DE DIVERSIDADE SHANNON-WEAVER (H) E DISTRIBUIÇÃO DAS ESPÉCIES (E)**

<b>AMOSTRA-BIBLIOTECA</b>	<b>INDIVÍDUOS</b>	<b><sup>a</sup>S</b>	<b><sup>b</sup>H</b>	<b><sup>c</sup>E</b>	<b><sup>d</sup>pH</b>	<b><sup>e</sup>ARGILA</b>
MA01-27F1492R	77	67	4,08	0,94	4,00	475
MA02-27F1492R	78	65	4,12	0,95	3,70	150
MA03-27F1492R	70	48	3,79	0,97	3,90	250
MA04-27F1492R	74	58	3,96	0,92	3,80	300
MA05-27F1492R	83	59	3,87	0,87	3,80	350
MA06-27F1492R	80	54	3,84	0,88	3,90	200
MA07-27F1492R	71	51	3,81	0,96	4,00	150
MA08-27F1492R	69	43	3,57	0,95	4,40	350
MA09-27F1492R	81	51	3,60	0,92	3,80	500
MA10-27F1492R	70	47	3,67	0,95	3,80	250
MA03-Y1Y3	62	53	3,88	0,98	3,90	250
<b>TOTAL</b>	<b>816</b>	<b>596</b>				

Índices calculados a partir do número e abundância de espécies em cada amostra de solo

<sup>a</sup>Riqueza de espécies

<sup>b</sup>Índice de diversidade Shannon-Weaver

<sup>c</sup>Índice de distribuição das espécies

<sup>d</sup>determinado em CaCl<sub>2</sub>

<sup>e</sup>em g/kg

## 6. DISCUSSÃO

### 6.1 Biodiversidade bacteriana do solo de Mata Atlântica

O programa *Sequence Match* produz resultados mais confiáveis, pois realiza a pesquisa contra todas as seqüências de 16S rDNA depositadas no banco de dados do RDP II. Mas isso não significa que os resultados produzidos pelo programa *Classifier* sejam descartáveis. A sua principal função é posicionar a seqüência submetida dentro da taxonomia bacteriana conhecida quando possível. Analisando conjuntamente os resultados dos dois programas se percebe que existe uma repetição de resultados para as seqüências que obtiveram os maiores índices de confiabilidade e similaridade. O filo Actinobacteria foi encontrado nas amostras MA01, MA02, MA04, MA06, MA09 e MA10, e esteve ausente nas amostras MA03, MA05 e MA07, tanto na comparação através do *Classifier* quanto através do *Sequence Match*. Os filos Bacteroidetes e Nitrospira também repetiram o seu padrão de presença e ausência com ambos os programas.

Os estudos de seqüências de rRNA de organismos ambientais identificam os organismos que provavelmente são mais abundantes no ambiente estudado e, por consequência, aqueles que participam ativamente na manutenção da comunidade (HUNGENHOLTZ, GOEBEL e PACE, 1998b). A análise físico-química das amostras de solo indicou que elas possuem um pH ácido variando de 3,70 na amostra MA02 a 4,40 na MA08. Essa faixa de pH classifica o solo com tendo acidez muito alta ( $\text{pH} \leq 4,3$  em  $\text{CaCl}_2$ ). Essa característica justifica o domínio do filo Acidobacteria nos solos estudados. O filo Acidobacteria foi proposto em 1995 (HIRAISHI et al., 1995) e possui apenas 3 representantes cultiváveis: *Acidobacterium capsulatum*, *Holophaga foetida* e *Geotrix fermentans*. *A. capsulatum* foi o primeiro representante desse filo e era classificado como uma  $\alpha$ -Proteobacteria anteriormente. Ele é moderadamente acidofílico, aeróbico e heterotrófico. *H. foetida* e *G. fermentans* por outro lado são organismos estritamente anaeróbicos que fermentam compostos aromáticos e acetato. A maioria das seqüências dos organismos que compõe esse filo tem origem de amostras ambientais e são amplamente distribuídas pelo planeta. Seqüências do gene 16S rDNA desse grupo foram encontradas

em várias localidades do mundo como por exemplo na Ásia (MITSUI et al., 1997), na Austrália (LIESACK e STACKEBRANDT 1992), em ambas as Américas (BORNEMAN et al., 1996; BORNEMAN e TRIPLETT, 1997) e na Europa (FELSKE et al., 1998). A grande dispersão do filo sugere que ele é um constituinte importante de muitos ecossistemas, particularmente do solo.

O filo Proteobacteria foi o segundo mais numeroso nos solos analisados. As Proteobactérias são o maior e mais diverso grupo de bactérias cultivadas. Dentre alguns dos papéis desempenhados por esse grupo está a participação ativa no ciclo do nitrogênio, o que provavelmente justifica a presença do grande número desses indivíduos no solo de floresta. Essa relação encontrada entre as Acidobactérias e Proteobactérias já foi descrita anteriormente (SMIT, 2001). A dominância das Proteobacteria ocorre geralmente em solos de cultivo (NÜSSLEIN e TIEDJE, 1999) e contaminados com metais pesados (SANDAA, TORVISK e ENGER, 2001) que, geralmente, apresentam um pH mais elevado em relação ao solo de floresta.

O filo Verrucomicrobia engloba bactérias gram-negativas sensíveis a penicilina sendo que alguns membros produzem cápsulas de peptidoglicanas (HEDLUND, GOSINK e STALEY, 1997). Alguns representantes isolados desse grupo pertencem a gêneros *Verrucomicrobia*, *Prostheco bacter* e *Ultramicrobia*. Análises moleculares indicam que esse grupo possui uma ampla distribuição em diversos ambientes geralmente apresentando muitos indivíduos (HEDLUND, GOSINK e STALEY, 1997; HUNGENHOLTZ, GOEBEL e PACE, 1998b). Membros desse filo também estão presentes nas amostras de solo da Mata Atlântica, mas não são abundantes, representando aproximadamente 1% das seqüências.

O filo Nitrospira representa um grupo de bactérias atuantes no ciclo do nitrogênio em ambientes aquáticos através da oxidação do nitrato, mas indivíduos desse grupo têm sido encontrados também no solo (DUNBAR et al., 1999; BARTOSCH et al, 2002) onde especula-se que possam ter atividade semelhante.

Uma nova categoria taxonômica, denominada *Candidatus*, foi criada na taxonomia bacteriana para determinar possíveis grupos bacterianos. Um filo candidato é descrito como um grupo procariótico para o qual existe uma seqüência gênica, mas não se dispõe de outras características necessárias

para uma descrição completa de acordo com o Código de Nomenclatura de Bactéria. Dentro dessa visão dois filós candidatos foram identificados. O filo candidato SPAM (*Spring Alpine Meadow*) proposto por LIPSON e SCHIMIDT (2004) não possui nenhum representante cultivado e não se conhecem maiores informações sobre suas características fisiológicas e morfológicas, mas seqüências de 16S rRNA relacionadas a ele tem sido encontradas em várias localidades (LIPSON e SCHIMIDT, 2004). O filo candidato OP10, composto por bactérias a princípio termofílicas, foi descrito primeiramente por HUNGENHOLTZ (1998a) a partir de análises moleculares de fontes termais no parque Yellowstone (EUA). Semelhante ao que acontece com o filo SPAM, não existe ainda nenhum isolado cultivado desse grupo, mas seqüências de seus membros têm sido retiradas de diversos ambientes. Dois outros filós de bactérias termofílicas, Thermomicrobia e Thermotogae, também foram identificados nos solos da Mata Atlântica paranaense. Considerando as temperaturas médias anuais da Mata Atlântica de 14 a 21°C, a existências de bactérias termofílicas em seus solos, que geralmente vivem em ambientes com temperaturas acima de 60°C, não é clara. Uma possibilidade a ser explorada é verificar a existência de representantes não termofílicos nesses grupos.

O potencial biotecnológico associado a essa diversidade de organismos também é muito grande. Considerando apenas alguns organismos que obtiveram altos índices de similaridade na comparação com o banco de dados podemos citar a  $\alpha$ -Proteobacteria *Novosphingobium* que degrada contaminantes da água de biorreatores, dentre estes 2,4,6-triclorofenol, 2,3,4,6-tetraclorofenol e pentaclorofenol (TIROLA et al., 2002); a  $\beta$ -Proteobacteria *Archangium* que produz o ácido gefirônico, composto antibiótico inibidor da síntese protéica em eucariotos (SASSE et al., 1995); e a também  $\beta$ -Proteobacteria *Schlegelella* que produz e degrada polihidroxialcanoatos, como poli-3-hidroxi-butirato, utilizando-os como fonte de carbono (ELBANNA et al., 2003).

## **6.2 Implicações nas estratégias de conservação**

A conservação da Mata Atlântica tem sido buscada por setores do Governo, da sociedade civil organizada, instituições acadêmicas e setor privado. Vários estudos e iniciativas têm sido desenvolvidos nos últimos anos, gerando um acervo de conhecimento e experiência significativos. Entretanto, muito pouco ou nenhum conhecimento foi gerado sobre a biodiversidade bacteriana associada à Mata Atlântica. Os procariotos são os principais reservatórios globais de carbono, nitrogênio e fósforo. São os principais responsáveis pela ciclagem de nutrientes no solo através dos ciclos biogeoquímicos, sendo que a descoberta de novos organismos tem ajudado os pesquisadores compreendê-los melhor e a sugerir novos ciclos.

Quando se fala em diversidade não se trata apenas de diferentes espécies, mas também da diversidade e do potencial biotecnológico que esses organismos apresentam. Os benefícios econômicos associados com a descoberta de microrganismos potencialmente exploráveis envolvem a produção de novos antibióticos e agentes terapêuticos; probióticos; produtos químicos; enzimas e polímeros para aplicações industriais e tecnológicas; e os processos de biorremediação de poluentes; biolixiviação e a otimização da capacidade microbiana para a fertilização dos solos e despoluição das águas (HUNTER-CEVERA, 1998). Além disso, o tipo de DNA ambiental escolhido como fonte de novos genes pode ser usado como marca para algumas características desejáveis. Por exemplo, análises de comunidades de altas temperaturas poderiam revelar enzimas mais resistentes à desnaturação por calor.

A perda da biodiversidade pela ação do homem começa com diminuição da variabilidade genética e de interações ecológicas e termina com a extinção local de populações inteiras. No caso dos microrganismos, a situação é ainda mais grave, pois não se tem idéia de quanto da diversidade já foi perdida, mas estima-se que milhares de espécies já estejam extintas (AZEVEDO, 1998). De fato, a devastação de uma floresta sempre vem acompanhada por uma diminuição da biodiversidade bacteriana (NÜSSLEIN e TIEDJE, 1999). Um estudo semelhante realizado com solos da Floresta Amazônica indicou que houve uma enorme perda de diversidade dos solos



onde a floresta havia sido devastada em relação aos solos sob a floresta madura (BORNEMAN e TRIPLET, 1997). A extinção de uma espécie é uma perda imensurável, porque cada espécie possui informações genéticas únicas, moldadas por complexas interações ecológicas complexas ao longo da evolução. Assim sendo, a preservação da biodiversidade tem ocupado lugar de destaque no planejamento das instituições governamentais e inúmeras ações são necessárias para dar suporte às estratégias de conservação. Em primeiro lugar os conservacionistas precisam coletar informações atualizadas e confiáveis sobre o estado das espécies, das comunidades e dos ecossistemas e entender suas necessidades de conservação em longo prazo. Em segundo lugar, é preciso identificar as causas específicas diretas e indiretas da perda de biodiversidade e as ameaças emergentes. Finalmente é necessário implementar estratégias de conservação que atendam às necessidades do ambiente (GALINDO-LEAN et al., 2005). Levando em consideração a diversidade e a extrema importância da microbiota para o ecossistema, é imperativo que se inclua nos planejamentos de preservação da Mata Atlântica dados sobre a diversidade microbiana, com a qual esperamos que esse trabalho possa colaborar.

## 7. CONCLUSÕES

- O solo da floresta apresenta um pH baixo caracterizado pela dominância de espécies de bactérias do filo Acidobacteria seguido das Proteobactérias.
- Representantes do domínio Archaea não foram encontrados;
- A diversidade bacteriana da Mata Atlântica paranaense, refletida pela diversidade do gene 16S rDNA, é grande e apresenta um amplo potencial biotecnológico;
- A diversidade e a riqueza de espécies bacterianas encontradas nos solos da Mata Atlântica tornam urgente a inclusão de estudos microbiológicos nas estratégias de preservação ambiental.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALTSCHUL, S. F.; MADDEN, T. L.; SCHAFFER, A. A.; ZHANG, J.; ZHANG, Z.; MILLER, W.; LIPMAN, D. J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic. Acids Res.**, v. 25, p. 3389-3402, 1997.

AZEVEDO, J. L. Biodiversidade microbiana e potencial biotecnológico. *In: Ecologia Microbiana*. DE MELO, I. S.; AZEVEDO, J. L. Jaguariúna: Embrapa-CNPMA, 488p, 1998.

BARTOSCH, S.; HARTWIG, C.; SPIECK, E.; BOCK, E. Immunological detection of Nitrospira-like bacteria in various soils. **Microbial Ecology**, v.43, n 1, p. 26-33, 2002.

BORNEMAN, J.; SKROCH, P. W.; O'SULLIVAN, K. M.; PALUS, J. Á.; RUMJANEK, N. G.; JANSEN, J. L.; NIENHUIS, J.; TRIPLET, E. W. Molecular microbial diversity of an agricultural soil in Wisconsin. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 62, p. 1935–1943, 1996.

BORNEMAN, J.; TRIPLET, E. W. Molecular microbial diversity in soils from Eastern Amazonia: Evidence for unusual microorganisms and microbial population shifts associated with deforestation. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 63, n 7, p. 2647-2653, 1997.

BURRELL, P. .; KELLER, J.; BLACKALL, L. L. Microbiology of a nitrite-oxidizing bioreactor. **Appl Environ Microbiol**, v. 70, n°2, p. 845–849, 2004.

CÂMARA, I. G. Breve história da conservação da Mata Atlântica. *In: Mata Atlântica: biodiversidade, ameaças e perspectivas*. GALINDO-LEAL, C.; CÂMARA, I. G. São Paulo: fundação SOS Mata Atlântica - Belo Horizonte: Conservação Internacional, 427p, 2005.

COLE, J. R.; CHAI, B.; FARRIS, R. J.; WANG, Q.; KULAM, S. A.;  
McGARRELL, D. M.; GARRITY, G. M.; TIEDJE, J. M. The Ribosomal Database  
Project (RDP-II): sequences and tools for high-throughput rRNA analysis.  
**Nucleic Acids Res.**, v. 33, p. 294–296, 2005.

CRUZ, L. M. **Caracterização e análise filogenética molecular de novos  
isolados de bactérias fixadoras de nitrogênio**. Curitiba, 2001. 185 p. Tese  
(Doutorado Ciências-Bioquímica) Setor de Ciências Biológicas – Universidade  
Federal do Paraná.

DAMS, E.; HENDRIKS, L.; VAN DE PEER, Y.; NEEFS, J-M.; SMITS, GEERT.;  
VANDENBEMPT, I.; WACHTER, R. Compilation of small ribosomal subunit  
RNA sequences. **Nucleic Acids Res.**, v. 16, p. 87-173, 1988.

DeLONG, E. F. Archaea in coastal marine environments. **Proc. Natl. Acad.  
Sci**, v. 89, p. 5685–5689, 1992.

DeLONG, E. F.; PACE, N. A. Enviromental diversity of bacteria and archaea.  
**Syst. Biol**, v. 50, n 4, p. 470-478, 2001.

DOOLITTLE, W. Phylogenetic classification and the universal tree. **Science**, v.  
284, p. 2124-2128, 1999.

DUNBAR, J.; TAKALA, S.; BARNS, S. M.; DAVIS, J. A.; KUSKE, C. R. Levels  
of bacterial community diversity in four arid soils compared by cultivation and  
16S rRNA gene cloning. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 65, n 4, p. 1662-  
1669, 1999.

DUNBAR, J.; TICKNOR, L. O.; KUSKE, C. R. Assessment of microbial diversity  
in four southwestern United States soils by 16S rRNA gene terminal restriction  
fragment analysis. **Appl Environ Microbiol**, v. 66, n°. 7, p. 2943-2950, 2000.

ELBANNA, K.; LÜTKE-EVERSLOH, T.; TRAPPEN, S. V.; MERGAERT, J.;  
SWINGS, J.; STEINBÜCHEL A. *Schlegelella thermodepolymerans* gen. nov.,

sp. nov., a novel thermophilic bacterium that degrades poly(3-hydroxybutyrate-co-3-mercaptopropionate). **Int J Syst Evol Microbiol**, v.53, p. 1165-1168, 2003.

EWING, B.; HILILIER, L.; WENDL, M. C.; GREEN, P. Base-calling of automated sequencer traces using *Phred*. I. Accuracy assessment. **Genome Research**, v. 8, p. 175-185, 1998a.

EWING, B.; GREEN, P. Basecalling of automated sequencer traces using *Phred*. II. Error probabilities. **Genome Research**, v. 8, p. 186-194, 1998b.

FELSKE, A.; WOLTERINK, A.; van LIS, R.; AKKERMANS, A. D. L. Phylogeny of the main bacterial 16S rRNA sequences in a Drentse grassland soils (The Netherlands). **Appl. Environ. Microbiol**, v. 54, p. 871–879, 1998.

FOX, G. E.; PECKMAN, K. J.; WOESE, C. R. Comparative cataloging of 16S ribosomal ribonucleic acid: molecular approach to prokaryotic systematics. **Inst. J.Syst. Bacteriol**, v. 27, p. 44-57, 1977.

GAFAN, G. P.; LUCAS, V. S.; ROBERTS, G. J.; PETRIE A.; WILSON, M.; SPRATT, D. A. Prevalence of periodontal pathogens in dental plaque of children. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 42. n° 9, p. 4141-4146, 2004.

GALINDO-LEAL, C.; JACOBSON, T. R.; LANGHMMER, P. F.; OLIVIERI, S. Estados dos *hotspots*: a dinâmica da perda de biodiversidade. In: **Mata Atlântica: biodiversidade, ameaças e perspectivas**. GALINDO-LEAL, C.; CÂMARA, I. G. São Paulo: fundação SOS Mata Atlântica - Belo Horizonte: Conservação Internacional, 427p, 2005.

GARRITY, G. M.; WINTERS, A.; KUO, A. W.; SEARLES, D. B. Taxonomic outline of the prokaryotes. **Bergey's Manual of Systematic Bacteriology**, second edition, <http://dx.doi.org/10.1007/bergeysoutline200310>, 2002

GORDON, D.; ABAJIAN, C.; GREEN, P. Consed: a graphical tool for sequence finishing. **Genome Research**, v. 8, p. 195-202, 1998.

GRANT, S.G.N.; JESSEE, J.; BLOOM, F.R.; HANAHAN, D. Differential plasmid rescue from transgenic mouse DNAs into *Escherichia coli* methylation-restriction mutants. **Proc. Natl. Acad. Sci**, v. 97, p. 4645-4649, 1990.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symp. Ser.**, v. 41, p. 95-98, 1999.

HEAD, I. M.; SAUNDERS, J. R.; PICKUP, R. W. Microbial evolution, diversity, and ecology: a decade of ribosomal RNA analysis of uncultivated microorganisms. **Microb. Ecol.** v. 35, p. 1–21, 1998.

HEDLUND, B. P.; GOSINK, J. J.; STALEY, J. T. Verrucomicrobia a new division of the Bacteria containing three new species of Prostheco bacter. **Antonie Van Leeuwenhoek**, v. 72, p. 29-38, 1997.

HENGSTMANN, U.; CHIN, K.; JANSSEN, P. H.; LIESACK, W. Comparative phylogenetic assignment of environmental sequences of genes encoding 16S rRNA and numerically abundant culturable bacteria from an anoxic rice paddy soil. **Appl Environ Microbiol**, v. 65, n°. 11, p. 5050-5058, 1999.

HILL, M. O. Diversity and Evenness: A unifying notation and Its consequences. **Ecology**, v. 54, n 2, p. 427–432, 1973.

HIRAISHI, A.; KISHIMOTO, N.; KOSAKO, Y.; WAKAO, N.; TANO, T. Phylogenetic position of the menaquinone-containing acidophilic chemotroph *Acidobacterium capsulatum*. **FEMS Microbiology Letters**, v. 132, p. 91-94, 1995

HUGENHOLTZ, P.; PACE, N. R. Identifying microbial diversity in the natural environment: a molecular phylogenetic approach. **Tibtech**, v. 14, p. 190-197, 1996.

HUGENHOLTZ, P.; PITULLE, C.; HERSHBERGER, K. L.; PACE, N. R. Novel division level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring. **J. Bacteriol.**, v. 180, p. 366-76, 1998a.

HUGENHOLTZ, P.; GOEBEL, B. M.; PACE, N. R. Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial diversity. **J. Bacteriol.**, v. 180, n 18, p. 4765-4774, 1998b.

HUNTER-CEVERA, J. C. The value of microbial diversity. **Current Opinion in Microbiology**, v. 1, n 3, p. 278-285, 1998.

IBEKWE, A. M.; PAPIERNIK, S. K.; GAN, J.; ATESSCOTT, R. Y.; YANG, C-H.; CROWLEY, D. E. Impact of fumigants on soil microbial communities. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 67, n°7, 3245-3257, 2001.

KELLER, M.; ZENGLER, K. Tapping into microbial diversity. **Nature Reviews**, v. 2, p. 141-150, 2004.

KOZDRÓJ, J.; Van ELSAS, J. D. Structural diversity of microorganisms in chemically perturbed soil assessed by molecular and cytochemical approaches. **Journal of Microbiological Methods**, v. 43, n. 3, p. 197-212, 2001.

LANE, D. J. 16S/23S rRNA sequencing. *In* STACKEBRANDT, E., GOODFELLOW, M. (Eds.). **Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics**: New York (Wiley), p. 115–148, 1991.

LIESACK, W.; STACKEBRANDT, E. Occurrence of novel groups of the domain bacteria as revealed by analysis of genetic material isolated from an Australian terrestrial environment. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 174, p. 5072–5078, 1992.

LIESACK, W.; JANSSEN, H. P.; RAINEY, F. A.; WARD-RAINEY, N. L.; STACKEBRANDT, E. Microbial diversity in soil: the need for a combined approach using molecular and cultivation techniques. *In: Modern Soil Microbiology*. VAN ELSAS, J. D.; TREVORS, J. T.; WELLINGTON, E. M. H. Marcel Dekker, Inc. New York, 712p, 1997.

LADD, J. N.; FOSTER, R. C.; NANNIPIERI, P.; OADES, J. D. Soil structure and biological activity. **Soil Biochem**, v. 9, p. 23-78, 1996.

LA SCOLA, B.; ZEAITER, Z.; KHAMIS, A.; RAOULT, D. Gene-sequence-based criteria for species definition in bacteriology: the Bartonella paradigm. **Trends Microbiol**, v.11, n 7, p. 318-321, 2003.

LIPSON, D. A.; SCHMIDT, S. K. Seasonal Changes in an Alpine Soil Bacterial Community in the Colorado Rocky Mountains. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 70, n 5, p. 2867–2879, 2004.

LLOYD, A. T.; SHARP, P. M. Evolution of the *recA* gene and the molecular phylogeny of bacteria. **Mol Evol**, v. 4, p. 399-407, 1993

LUDWIG, W.; SCHLEIFER, K. H. Bacterial phylogeny based on 16S and 23S rRNA sequence analysis. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 15, p. 155-173, 1994

LUDWIG, W.; STRUNK, O.; KLUGBAUER, S.; KLUGBAUER, N.; WEIZENEGGER, M.; NEUMAIER, J.; BACHLEITNER, M.; SCHLEIFER, K. H. Bacterial phylogeny based on comparative sequence analysis. **Electrophoresis**, v. 19, n 4, p. 554-568, 1998.

MITSUI, H.; GORLACH, K.; LEE, H. J.; HATTORI, R.; HATTORI, T. Incubation time and media requirements of culturable bacteria from different phylogenetic groups. **J. Microbiol. Methods** , v. 30, p. 103-110, 1997.



MOLLET, C.; DRANCOURT, M.; RAOULT, D. rpoB sequence analysis as a novel basis for bacterial identification. **Molecular Microbiology**, v. 26, n. 5, p. 1005-1011, 1997.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C.G.; DA FONSECA, G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, v. 403, p. 853-858, 2000.

NÜSSLEIN, K.; TIEDJE, J. M. Soil bacterial community shift correlated with change from forest to pasture vegetation in a tropical soil. **Appl. Environ. Microbiol.**, v. 65, n. 8, p. 3622-3626, 1999

OCHMAN, H.; LAWRENCE, J. G.; GROISMAN, E. A. Lateral gene transfer and the nature of bacterial innovation. **Nature**, v. 405, p. 299-304, 2000.

O'DONNELL, A.G.; GÖRRES, H. 16S rDNA methods in soil microbiology. **Current Opinion In Biotechnology**, v. 10, p. 225-229, 1999.

OGRAM, A. Soil molecular microbial ecology at age 20: methodological challenges for the future. **Soil Biology & Biochemistry**, v. 32, p. 1499-1504, 2000.

OLSEN, G. J.; WOOSE, C. R.; OVERBEEK, R. The winds of (evolutionary) change: breathing new life into microbiology. **J. Bacteriol.**, v. 176(1) p. 1-6, 1994.

PAABO, S.; IRWIN, D. M.; WILSON, A. C. DNA damage promotes jumping between templates during enzymatic amplification. **J. Biol. Chem.**, v. 265, p. 4718-4721, 1992.

PACE, N. R.; STAHL, D. A.; LANE, D. J.; OLSEN, G. J.. The analysis of natural microbial populations by ribosomal RNA sequences. **Adv. Microb. Ecol.**, v. 9, p. 1-55, 1986.

PACE, N. R. A molecular view of microbial diversity and the biosphere. **Science**, v. 276, p. 734-740, 1997.

PROSSER, J. I. Molecular and functional diversity in soil micro-organisms. **Plant and Soil**, v. 244, p. 9-17, 2002.

RAPPÉ, M. S.; GIOVANONNI, S. J. The uncultured microbial majority. **Annu. Rev. Microbiol.**, v. 67, p. 369-394, 2003.

ROSADO, A. S.; DUARTE, G. F.; SELDIN, L.; van ELSAS, J. D. Genetic Diversity of nifH Gene Sequences in *Paenibacillus azotofixans* Strains and Soil Samples Analyzed by Denaturing Gradient Gel Electrophoresis of PCR-Amplified Gene Fragments. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 4, n. 8, p. 2770-2779, 1998.

ROSSELÓ-MORA, R.; AMANN, R. The species concept for prokaryotes. **FEMS Microbiology Review**, v. 25, n. 1, p. 39-67, 2001.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E.F. MANIATIS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual. 2ed.** Cold Spring Harbor, New York, Cold Spring Harbor Laboratory Press., 1989.

SANDAA, R-A.; TORVISK, V.; ENGER, Ø. Influence of long-term heavy-metal contamination on microbial communities in soil. **Soil Biol. Biochem**, v. 33, p. 287-295, 2001.

SANGER, F., NICKLEN, S., COULSON, A. R. DNA sequencing with chain terminating inhibitors. **Proc. Natl. Acad. Sci**, v. 74, p. 5463-5467, 1977.

SAIKI, R. K.; GELFAND, D. H.; STOFFEL, S.; SHARF, S.J.; HIGUCHI, R.; HORN, G. T.; MULLIS, K. B.; ERLICH, H. A. primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science**, v. 239, p. 487-, 1988.

SASSE, F.; STEINMETZ, H.; HOFLE, G.; REICHENBACH, H. Gephyronic acid, a novel inhibitor of eukaryotic protein synthesis from *Archangium gephyra* (myxobacteria). Production, isolation, physico-chemical and biological properties, and mechanism of action. **J. Antibiot.**, v. 48, n°1, p. 21-5, 1995.

SESSISTSCH, A.; WEILHARTER, A.; GERZABEK, M. H.; KIRCHMANN, H.; KANDELER, E. Microbial population structures in soil particle size fractions of a long-term fertilizer field experiment. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 67, n 9, p. 4215-4224, 2001.

SHANNON, C. E.; WEAVER, W. The mathematical theory of communication. **University of Illinois Press**, Urbana, 1949.

SMIT, E.; LEEFLANG, P.; GOMMANS, S.; VAN DEN BROEK, J.; VAN MIL, S.; WERNARS K. Diversity and seasonal fluctuations of the dominant members of the bacterial soil community in a wheat field as determined by cultivation and molecular methods. **Appl. Environ. Microbiol**, v.67, n 5, p. 2284-2291, 2001.

SNELL-CASTRO, R.; GODON, J-J.; DELGENÈS, J-P.; DABERT, P. Characterization of the microbial diversity in a pig manure storage pit using small subunit rDNA sequence analysis. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 52, n 2, p. 229-242, 2005.

THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G.; GIBSON, T. J. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucl. Acids Res.**, v. 22, p. 4673-4680, 1994.

TIIROLA, M. A.; MÄNNISTO, M. K.; PUHAKKA, J. A.; KULOMAA, M. S. Isolation and characterization of *Novosphingobium* sp. Strain MT1, a dominant polychlorophenol-degrading strain in a groundwater bioremediation system. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 68, n°1, p. 173-180, 2002.

TOMÉ JR., J. B. **Manual para interpretação de análise de solo**. Guaíba: Agropecuária, 247p, 1997.

TORSVIK, V. L. Isolation of bacterial DNA from soil. **Soil. Biol. Biochem**, v. 12, p. 15-21, 1980.

TORSVIK, V.; ØVREAS, L., THINGSTAD, T. F. Prokaryotic diversity – Magnitude, dynamics and controlling factors. **Science**, v. 296, p. 1064-1066, 2002a.

TORSVIK, V.; ØVREAS, L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. **Current Opinion In Microbiology**, v. 5, p. 240-245, 2002b.

VAN DE PEER, Y.; CHAPELLE, S.; De WACHTER, R. A quantitative map of nucleotide substitution rates in bacterial rRNA. **Nucleic Acids Res**, v. 24, n 17, p. 3381-3391, 1996.

VARGAS, M. A. T.; HUNGRIA., ed. **Biologia dos solos dos Cerrados**. Planaltina: EMBRAPA-CPAC, p. 34, 1997.

VAN DER WIELEN, P. W.; BOLHUIS, H.; BORIN, S.; DAFFONCHIO, D.; CORSELLI, C.; GIULIANO, L.; D'AURIA, G.; de LANGE, G. J.; HUEBNER, A.; VARNAVAS, S. P.; THOMSON, J.; TAMBURINI, C.; MARTY, D.; MCGENITY, T. J.; TIMMIS, K. N. The enigma of prokaryotic life in deep hypersaline anoxic basins. **Science**, v. 7, p. 121-123, 2005.

WANG, G. C. -Y.; WANG, Y. Frequency of formation of chimeric molecules as a consequence of PCR co-amplification of 16S rRNA genes from different bacterial species. **Appl. Environ. Microbiol**, v. 63, n 12, p. 4645-4650, 1997.

WARD, D. M.; BATESON, M. M.; WELLER, R.; RUFF-ROBERTS, A. L. Ribosomal RNA analysis of microorganisms as they occur in nature. **Adv. Microb. Ecol.** v. 12, p. 219–286, 1992.

WHITMAN, W. B.; COLEMAN, D. C.; WIEBES, W. J. Prokaryotes: the unseen majority. **Proc. Natl. Acad. Sci**, v. 95, p. 6578-6583, 1998.

WHITTAKER, R.H. New concepts of kingdoms of organisms. **Science**, v.163, p. 150-160, 1969.

WOESE, C. R.; GUTELL, R.; GUPTA, R.; NOLLER, H. F. Detailed Analysis of the Higher-Order Structure of 16S-Like Ribosomal Ribonucleic Acids. **Microbial Rev**, v. 47, n°4, p. 621-669, 1983.

WOESE, C. R. Bacterial evolution. **Microbial Rev.**, v. 51, n. 2, p. 221-271, 1987.

WOESE, C. R.; KANDLER, O.; WHEELIS, M. L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria e Eucarya. **Proc. Natl. Acad. Sci**, v. 87, p. 4576-4579, 1990.

YOUNG, J. P. W.; DOWNER, H. L.; EARDLY, B. D. Phylogeny of the phototrophic Rhizobium strain BTAi by polymerase chain reaction-based sequencing of a 16S rRNA gene segment. **J. Bacteriol**, Washington, v. 173, p. 2271-2277, 1991.

YOUNG, M. I.; CRAWFORD, J. W. Interactions and self-organization in the soil-microbe complex. **Science**, v. 304, p. 1634-1637, 2004.

ZUCKERKANDL, E.; PAULING. L. Molecules as documents of evolutionary history. **J.Theor Biol**, v. 8, p. 357-366, 1965

**9. APÊNDICES**

APÊNDICE 1.....92

APÊNDICE 2.....93

APÊNDICE 3.....94

APÊNDICE 4.....95

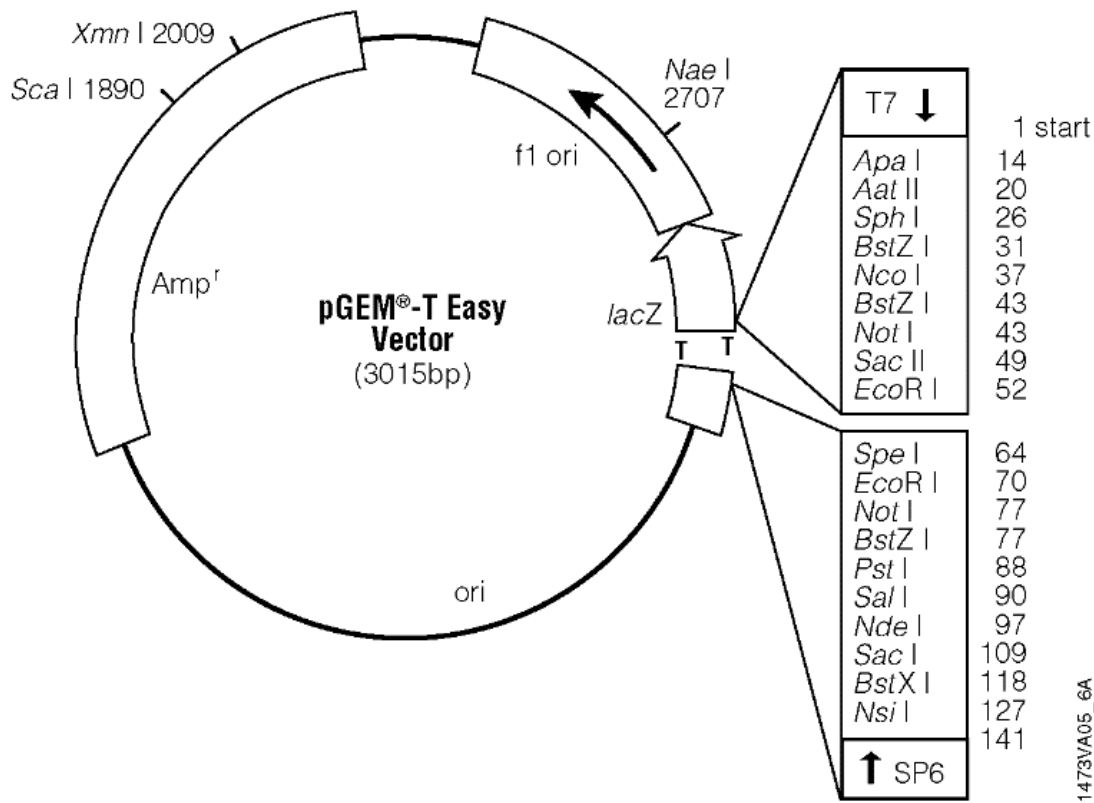
APÊNDICE 5.....99

APÊNDICE 6.....131

APÊNDICE 7.....163

APÊNDICE 8.....167

APÊNDICE 1- VETOR pGEM-T



## APÊNDICE 2 - COMPOSIÇÃO DOS MEIOS DE CULTURA

Meio Terrific Broth:

Bacto-triptona	12 g/L
Extrato de levedura	24 g/L
Glicerol	4 mL/L

Meio Lisogenic-Broth Agar (LA):

Triptona	10 g/L
Extrato de levedura	5 g/L
NaCl	10 g/L
Agar	15 g/L

Meio SOB:

Bacto triptona	20 g/L
Extrato de levedura	5 g/L
Cloreto de sódio	0,584 g/L
Cloreto de potássio	0,186 g/L
Água destilada q.s.p.	1 L

Meio SOC:

Triptona	20 g/L
Extrato de levedura	5 g/L
NaCl	0,6 g/L
KCl	0,19 g/L
MgCl <sub>2</sub>	0,94 g/L
MgSO <sub>4</sub>	1,2 g/L
Glucose	3,6 g/L
Água destilada q.s.p.	1 L



### APÊNDICE 3 – MAPA DA REGIÃO LESTE DO ESTADO DO PARANÁ



FONTE: [www.paranaturismo.com.br/mapa.asp](http://www.paranaturismo.com.br/mapa.asp)

Detalhe do mapa do estado do Paraná compreendido entre meridianos 49°/50° de longitude e entre as paralelas 25°/26° de latitude. A Estrada da Graciosa (PR410) onde foram coletadas as amostras está destacada no círculo azul. O posicionamento geográfico de cada ponto de coleta está indicado no texto (Tabela 4).

## APÊNDICE 4 – LOCAIS DE COLETA

Portal de entrada da Estrada da Graciosa – Marco km 0



Ponto MA01 – Longitude 48°55,654', Latitude 25°19,181', Altitude 874 m, km 2,5



Ponto MA02 – Longitude 48°54,505', Latitude 25°19,982', Altitude 900 m, km 5





Ponto MA03 – Longitude 48°54,086', Latitude 25°20,023', Altitude 896 m, km 6



Ponto MA04 – Longitude 48°53,908', Latitude 25°20,068', Altitude 810 m, km 7,5



Ponto MA05 – Longitude 48°53,215', Latitude 25°21,016', Altitude 604 m, km 10





Ponto MA06 – Longitude 48°43,028', Latitude 25°21,623', Altitude 375 m, km 13,4



Ponto MA07 – Longitude 48°52,373' Latitude 25°22,291', Altitude 161 m, km 17,2



Ponto MA08 – Longitude 48°51,978', Latitude 25°23,723', Altitude 95m, km 20,6



Ponto MA09 – Longitude 48°52,575', Latitude 25°25,614', Altitude 44 m, km 25,1



Ponto MA010 – Longitude 48°47,661', Latitude 25°32,515', Altitude 29 m, km 41,8



**APÊNDICE 5 - RESULTADO DA COMPARAÇÃO DAS  
SEQUENCIAS PARCIAIS DE 16S rRNA DA  
BIBLIOTECA 27F1492R COM O BANCO DE  
DADOS DO RDP II PELO PROGRAMA  
*CLASSIFIER*.**

## SUMÁRIO

MA01-P01-27F1492R.....	101
MA02-P03-27F1492R.....	104
MA03-P04-27F1492R.....	107
MA04-P01-27F1492R.....	110
MA05-P01-27F1492R.....	113
MA06-P01-27F1492R.....	116
MA07-P01-27F1492R.....	119
MA08-P01-27F1492R.....	122
MA09-P01-27F1492R.....	125
MA10-P01-27F1492R.....	128



# 1. PLACA MA01-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA01-P01-A02	Acidobacteria	82% Acidobacteria	82% Acidobacteriales	82% Acidobacteriaceae	82% Acidobacterium	82%
MA01-P01-A03	Firmicutes	32% Clostridia	30% Thermoanaerobacteriales	15% Thermoanaerobacteriaceae	15% Thermovenabulum	15%
MA01-P01-A04	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	96% Burkholderiales	61% Comamonadaceae	28% Alicyclophilus	18%
MA01-P01-A05	Gemmatimonadetes	95% Gemmatimonadetes	95% Gemmatimonadales	95% Gemmatimonadales	95% Gemmatimonas	95%
MA01-P01-A06	Proteobacteria	92% Alphaproteobacteria	76% Rhizobiales	62% Beijerinckiaceae	27% Beijerinckia	27%
MA01-P01-A07	Proteobacteria	42% Gammaproteobacteria	17% Enterobacteriales	8% Enterobacteriaceae	8% Alterococcus	8%
MA01-P01-A08	Proteobacteria	31% Deltaproteobacteria	15% Myxococcales	5% Haliangiaceae	4% Haliangium	4%
MA01-P01-A09	Proteobacteria	47% Deltaproteobacteria	25% Syntrophobacteriales	23% Syntrophobacteraceae	23% Desulfovira	11%
MA01-P01-A10	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium	96%
MA01-P01-A11	Proteobacteria	84% Alphaproteobacteria	73% Rhodospirillales	51% Rhodospirillaceae	49% Tistrella	49%
MA01-P01-A12	Proteobacteria	36% Alphaproteobacteria	16% Rhodospirillales	14% Acetobacteraceae	12% Acidisphaera	4%
MA01-P01-B02	Firmicutes	47% Clostridia	40% Clostridiales	39% Acidaminococcaceae	21% Dialister	10%
MA01-P01-B03	Proteobacteria	43% Alphaproteobacteria	16% Rhodospirillales	11% Rhodospirillaceae	6% Tistrella	3%
MA01-P01-B04	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium	93%
MA01-P01-B05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Beijerinckiaceae	63% Beijerinckia	63%
MA01-P01-B06	Gemmatimonadetes	76% Gemmatimonadetes	76% Gemmatimonadales	76% Gemmatimonadales	76% Gemmatimonas	76%
MA01-P01-B07	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	18% Sphingomonadales	16% Sphingomonadaceae	16% Sandaracinobacter	13%
MA01-P01-B12	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA01-P01-C01	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	24% Rhizobiales	14% Methylocystaceae	14% Methylocystis	13%
MA01-P01-C02	Proteobacteria	34% Gammaproteobacteria	14% Chromatiales	7% Ectothiorhodospiraceae	6% Nitrococcus	6%
MA01-P01-C05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	98% Pedomicrobium	77%
MA01-P01-C06	Actinobacteria	48% Actinobacteria	48% Actinomycetales	30% Acidothermaceae	18% Acidothermus	18%
MA01-P01-C08	Proteobacteria	47% Alphaproteobacteria	17% Sphingomonadales	10% Sphingomonadaceae	10% Sandaracinobacter	7%
MA01-P01-C09	Proteobacteria	42% Gammaproteobacteria	13% Enterobacteriales	4% Enterobacteriaceae	4% Alterococcus	4%
MA01-P01-C12	Verrucomicrobia	33% Verrucomicrobiae	33% Verrucomicrobiales	33% Verrucomicrobiaceae	30% Verrucomicrobium	30%
MA01-P01-D01	Proteobacteria	51% Gammaproteobacteria	25% Thiotrichales	18% Thiotrichaceae	18% Leucothrix	18%
MA01-P01-D02	Proteobacteria	50% Gammaproteobacteria	21% Chromatiales	17% Chromatiaceae	16% Thiorhodococcus	7%
MA01-P01-D03	Acidobacteria	86% Acidobacteria	86% Acidobacteriales	86% Acidobacteriaceae	86% Acidobacterium	86%
MA01-P01-D04	Acidobacteria	32% Acidobacteria	32% Acidobacteriales	32% Acidobacteriaceae	32% Acidobacterium	32%
MA01-P01-D05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	99% Hyphomicrobiaceae	99% Rhodoplanes	81%



continuação

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA01-P01-D07	Proteobacteria	61% Deltaproteobacteria	44% Desulfobacterales	26% Desulfobacteraceae	22% Desulfomusa 9%
MA01-P01-D08	Acidobacteria	83% Acidobacteria	83% Acidobacteriales	83% Acidobacteriaceae	83% Acidobacterium 83%
MA01-P01-D09	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Rhodocyclales	61% Rhodocyclaceae	61% Zoogloea 23%
MA01-P01-D10	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	88% Burkholderiales	82% Alcaligenaceae	61% Sutterella 60%
MA01-P01-D11	Proteobacteria	31% Gammaproteobacteria	14% Xanthomonadales	13% Xanthomonadaceae	13% Pseudoxanthomonas 13%
MA01-P01-E01	Acidobacteria	85% Acidobacteria	85% Acidobacteriales	85% Acidobacteriaceae	85% Acidobacterium 85%
MA01-P01-E02	Proteobacteria	95% Alphaproteobacteria	43% Rhizobiales	23% Brucellaceae	19% Mycoplana 19%
MA01-P01-E03	Proteobacteria	45% Gammaproteobacteria	30% Enterobacteriales	27% Enterobacteriaceae	27% Alterococcus 26%
MA01-P01-E04	Proteobacteria	54% Alphaproteobacteria	30% Sphingomonadales	18% Sphingomonadaceae	18% Sandaracinobacter 10%
MA01-P01-E05	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Burkholderia 100%
MA01-P01-E07	Proteobacteria	31% Alphaproteobacteria	15% Rhodospirillales	10% Acetobacteraceae	10% Acidisphaera 7%
MA01-P01-E09	Acidobacteria	88% Acidobacteria	88% Acidobacteriales	88% Acidobacteriaceae	88% Acidobacterium 88%
MA01-P01-E10	Proteobacteria	78% Alphaproteobacteria	51% Rhodospirillales	36% Acetobacteraceae	21% Acidomonas 13%
MA01-P01-E11	Firmicutes	27% Clostridia	21% Clostridiales	21% Acidaminococcaceae	11% Dialister 4%
MA01-P01-E12	Firmicutes	35% Clostridia	30% Clostridiales	21% Clostridiaceae	10% Tindallia 6%
MA01-P01-F01	Proteobacteria	49% Deltaproteobacteria	42% Syntrophobacterales	34% Syntrophobacteraceae	34% Desulforhabdus 24%
MA01-P01-F02	Proteobacteria	30% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	11% Acetobacteraceae	8% Acidisphaera 7%
MA01-P01-F03	Proteobacteria	51% Deltaproteobacteria	40% Myxococcales	28% Polyangiaceae	24% Polyangium 24%
MA01-P01-F04	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	98% Rhodospirillales	98% Acetobacteraceae	98% Acidisphaera 32%
MA01-P01-F05	Proteobacteria	23% Deltaproteobacteria	11% Desulfovibrionales	6% Desulfohalobiaceae	6% Desulfonatronovibrio 6%
MA01-P01-F06	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	97% Burkholderiales	62% Incertae sedis	29% Schlegelella 12%
MA01-P01-F07	Proteobacteria	82% Alphaproteobacteria	44% Rhizobiales	27% Rhodobiaceae	11% Rhodobium 11%
MA01-P01-F10	Proteobacteria	93% Gammaproteobacteria	49% Oceanospirillales	28% Hahellaceae	22% Zooshikella 22%
MA01-P01-F11	Proteobacteria	74% Alphaproteobacteria	39% Rhizobiales	15% Hyphomicrobiaceae	6% Starkeya 4%
MA01-P01-F12	Proteobacteria	85% Gammaproteobacteria	45% Xanthomonadales	30% Xanthomonadaceae	30% Thermomonas 29%
MA01-P01-G01	Acidobacteria	47% Acidobacteria	47% Acidobacteriales	47% Acidobacteriaceae	47% Acidobacterium 47%
MA01-P01-G02	Proteobacteria	93% Betaproteobacteria	48% Burkholderiales	37% Incertae sedis	35% Schlegelella 29%
MA01-P01-G03	Proteobacteria	32% Alphaproteobacteria	18% Sphingomonadales	8% Sphingomonadaceae	8% Sandaracinobacter 8%
MA01-P01-G04	Aquificae	24% Aquificae	24% Aquificales	24% Aquificaceae	24% Aquifex 22%
MA01-P01-G05	Proteobacteria	31% Gammaproteobacteria	15% Enterobacteriales	8% Enterobacteriaceae	8% Alterococcus 8%
MA01-P01-G07	Firmicutes	48% Clostridia	41% Clostridiales	41% Clostridiaceae	18% Acidaminobacter 6%
MA01-P01-G08	Firmicutes	48% Clostridia	45% Clostridiales	45% Acidaminococcaceae	16% Centipeda 5%
MA01-P01-G09	Proteobacteria	85% Alphaproteobacteria	75% Rhodospirillales	39% Rhodospirillaceae	37% Skermanella 34%

conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA01-P01-G10	Proteobacteria	96% Alphaproteobacteria	91% Rhizobiales	87% Hyphomicrobiaceae	56% Rhodoplanes	56%
MA01-P01-G11	Proteobacteria	29% Deltaproteobacteria	18% Syntrophobacterales	13% Syntrophobacteraceae	13% Desulfacinum	12%
MA01-P01-G12	Proteobacteria	52% Deltaproteobacteria	25% Syntrophobacterales	12% Syntrophobacteraceae	11% Desulfacinum	11%
MA01-P01-H02	Proteobacteria	70% Gammaproteobacteria	56% Alteromonadales	46% Alteromonadaceae	46% Microbulbifer	46%
MA01-P01-H03	Proteobacteria	33% Alphaproteobacteria	14% Rhodospirillales	10% Rhodospirillaceae	10% Inquilinus	9%
MA01-P01-H04	Proteobacteria	65% Deltaproteobacteria	55% Syntrophobacterales	43% Syntrophobacteraceae	43% Desulforhabdus	25%
MA01-P01-H05	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	18% Desulfobacterales	9% Desulfobacteraceae	8% Desulfomusa	3%
MA01-P01-H06	Verrucomicrobia	34% Verrucomicrobiae	34% Verrucomicrobiales	34% Verrucomicrobiaceae	32% Verrucomicrobium	32%
MA01-P01-H07	Proteobacteria	30% Gammaproteobacteria	14% Enterobacteriales	13% Enterobacteriaceae	13% Alterococcus	12%
MA01-P01-H08	Proteobacteria	98% Betaproteobacteria	95% Burkholderiales	70% Burkholderiaceae	37% Limnobacter	35%
MA01-P01-H09	Proteobacteria	66% Deltaproteobacteria	42% Desulfobacterales	19% Desulfobacteraceae	19% Desulforegula	9%
MA01-P01-H10	Proteobacteria	29% Gammaproteobacteria	15% Enterobacteriales	11% Enterobacteriaceae	11% Alterococcus	10%
MA01-P01-H11	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	98% Burkholderiales	60% Incertae sedis	25% Schlegelella	8%
MA01-P01-H12	Proteobacteria	95% Betaproteobacteria	80% Burkholderiales	50% Alcaligenaceae	26% Pelistega	14%

## 2. PLACA MA02-PO3-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA02-P03-A01	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	99% Burkholderia 97%
MA02-P03-A02	Proteobacteria	27% Deltaproteobacteria	16% Myxococcales	6% Polyangiaceae	6% Polyangium 6%
MA02-P03-A03	Proteobacteria	90% Alphaproteobacteria	80% Rhodospirillales	36% Rhodospirillaceae	33% Skermanella 29%
MA02-P03-A05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	98% Hyphomicrobiaceae	98% Rhodoplanes 98%
MA02-P03-A06	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	96% Burkholderiales	86% Alcaligenaceae	38% Sutterella 32%
MA02-P03-A07	Proteobacteria	38% Deltaproteobacteria	25% Syntrophobacterales	18% Syntrophobacteraceae	18% Desulfovira 9%
MA02-P03-A08	Proteobacteria	42% Deltaproteobacteria	24% Myxococcales	19% Polyangiaceae	14% Polyangium 14%
MA02-P03-A09	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium 93%
MA02-P03-A10	Acidobacteria	49% Acidobacteria	49% Acidobacteriales	49% Acidobacteriaceae	49% Acidobacterium 49%
MA02-P03-A11	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	97% Burkholderiales	80% Incertae sedis	47% Schlegelella 27%
MA02-P03-A12	Firmicutes	31% Caldithrix	19% Caldithrales	19% Caldithraceae	19% Caldithrix 19%
MA02-P03-B02	Proteobacteria	92% Alphaproteobacteria	82% Rhizobiales	34% Hyphomicrobiaceae	25% Hyphomicrobium 12%
MA02-P03-B03	Proteobacteria	37% Alphaproteobacteria	19% Rhodospirillales	17% Rhodospirillaceae	11% Tistrella 9%
MA02-P03-B04	Proteobacteria	34% Deltaproteobacteria	19% Desulfuromonales	6% Desulfuromonaceae	6% Malonomonas 6%
MA02-P03-B05	Proteobacteria	91% Gammaproteobacteria	81% Chromatiales	43% Chromatiaceae	37% Lamprocystis 10%
MA02-P03-B08	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium 98%
MA02-P03-B10	Proteobacteria	84% Alphaproteobacteria	40% Rhodospirillales	30% Rhodospirillaceae	17% Inquilinus 10%
MA02-P03-B11	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	97% Rhizobiales	92% Hyphomicrobiaceae	87% Rhodoplanes 87%
MA02-P03-B12	Proteobacteria	91% Alphaproteobacteria	65% Rhodospirillales	29% Rhodospirillaceae	22% Inquilinus 9%
MA02-P03-C01	Proteobacteria	63% Deltaproteobacteria	46% Syntrophobacterales	39% Syntrophobacteraceae	39% Desulforhabdus 28%
MA02-P03-C02	Proteobacteria	97% Betaproteobacteria	77% Burkholderiales	75% Incertae sedis	59% Aquabacterium 26%
MA02-P03-C03	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	91% Rhodoplanes 91%
MA02-P03-C04	Proteobacteria	26% Deltaproteobacteria	15% Desulfobacterales	9% Desulfobacteraceae	9% Desulfomusa 4%
MA02-P03-C05	Firmicutes	44% Clostridia	31% Clostridiales	25% Clostridiaceae	15% Tindallia 14%
MA02-P03-C06	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	96% Rhodospirillales	66% Rhodospirillaceae	65% Inquilinus 37%
MA02-P03-C07	Proteobacteria	98% Alphaproteobacteria	94% Rhodospirillales	70% Rhodospirillaceae	70% Inquilinus 48%
MA02-P03-C08	Proteobacteria	52% Alphaproteobacteria	31% Rhodospirillales	19% Rhodospirillaceae	16% Skermanella 12%
MA02-P03-C09	Proteobacteria	32% Deltaproteobacteria	19% Syntrophobacterales	12% Syntrophobacteraceae	12% Desulfovira 9%
MA02-P03-C10	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium 99%
MA02-P03-C11	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium 94%

continuação

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA02-P03-C12	Acidobacteria	62% Acidobacteria	62% Acidobacteriales	62% Acidobacteriaceae	62% Acidobacterium
MA02-P03-D01	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium
MA02-P03-D02	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	76% Methylocystaceae	57% Methylocystis
MA02-P03-D03	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	99% Burkholderiales	53% Incertae sedis	19% Schlegelella
MA02-P03-D05	Proteobacteria	44% Alphaproteobacteria	23% Rhodospirillales	21% Rhodospirillaceae	14% Tistrella
MA02-P03-D06	Proteobacteria	26% Alphaproteobacteria	13% Rhizobiales	5% Methylocystaceae	3% Methylocystis
MA02-P03-D07	Proteobacteria	54% Alphaproteobacteria	33% Sphingomonadales	17% Sphingomonadaceae	17% Sandaracinobacter
MA02-P03-D08	Proteobacteria	96% Betaproteobacteria	79% Burkholderiales	62% Incertae sedis	44% Aquabacterium
MA02-P03-D09	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium
MA02-P03-D10	Bacteroidetes	99% Sphingobacteria	99% Sphingobacteriales	99% Crenotrichaceae	99% Chitinophaga
MA02-P03-D11	Proteobacteria	38% Alphaproteobacteria	18% Sphingomonadales	11% Sphingomonadaceae	11% Sandaracinobacter
MA02-P03-D12	Firmicutes	57% Clostridia	57% Clostridiales	56% Syntrophomonadaceae	28% Syntrophothermus
MA02-P03-E03	Proteobacteria	46% Deltaproteobacteria	41% Syntrophobacterales	34% Syntrophobacteraceae	34% Desulforhabdus
MA02-P03-E04	Proteobacteria	38% Deltaproteobacteria	22% Desulfobacterales	16% Desulfobacteraceae	16% Desulfonema
MA02-P03-E05	Proteobacteria	29% Alphaproteobacteria	11% Rhodospirillales	4% Acetobacteraceae	3% Asaia
MA02-P03-E06	Proteobacteria	65% Deltaproteobacteria	49% Syntrophobacterales	35% Syntrophobacteraceae	35% Desulfovira
MA02-P03-E07	Deinococcus-Thermus	23% Deinococci	23% Thermales	23% Thermaceae	23% Oceanithermus
MA02-P03-E08	Proteobacteria	66% Deltaproteobacteria	49% Syntrophobacterales	45% Syntrophobacteraceae	45% Desulforhabdus
MA02-P03-E09	Proteobacteria	22% Alphaproteobacteria	8% Rhizobiales	3% Bradyrhizobiaceae	1% Rhodoblastus
MA02-P03-E10	Acidobacteria	41% Acidobacteria	41% Acidobacteriales	41% Acidobacteriaceae	41% Acidobacterium
MA02-P03-E11	Proteobacteria	72% Deltaproteobacteria	52% Desulfovibrionales	25% Desulfovibrionaceae	21% Bilophila
MA02-P03-E12	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium
MA02-P03-F02	Proteobacteria	39% Deltaproteobacteria	20% Myxococcales	8% Cystobacteraceae	5% Melittangium
MA02-P03-F03	Proteobacteria	90% Gammaproteobacteria	79% Oceanospirillales	71% Hahellaceae	58% Zooshikella
MA02-P03-F05	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium
MA02-P03-F06	Proteobacteria	42% Deltaproteobacteria	38% Syntrophobacterales	25% Syntrophobacteraceae	25% Desulfovira
MA02-P03-F08	Proteobacteria	46% Deltaproteobacteria	25% Syntrophobacterales	12% Syntrophobacteraceae	12% Desulfacinum
MA02-P03-F09	Proteobacteria	47% Alphaproteobacteria	23% Rhodospirillales	17% Rhodospirillaceae	15% Tistrella
MA02-P03-F11	Proteobacteria	55% Gammaproteobacteria	40% Chromatiales	29% Chromatiaceae	27% Thermochromatium
MA02-P03-F12	Proteobacteria	36% Deltaproteobacteria	20% Syntrophobacterales	11% Syntrophobacteraceae	11% Desulfacinum
MA02-P03-G02	Firmicutes	47% Clostridia	46% Clostridiales	46% Peptococcaceae	15% Desulfonispora
MA02-P03-G03	Proteobacteria	85% Gammaproteobacteria	42% Legionellales	17% Coxiellaceae	17% Rickettsiella
MA02-P03-G04	Proteobacteria	40% Alphaproteobacteria	25% Rhodospirillales	23% Rhodospirillaceae	20% Tistrella

conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA02-P03-G05	Proteobacteria	32% Gammaproteobacteria	13% Enterobacteriales	5% Enterobacteriaceae	5% Alterococcus 4%
MA02-P03-G06	Proteobacteria	81% Deltaproteobacteria	77% Myxococcales	33% Polyangiaceae	33% Chondromyces 28%
MA02-P03-G07	Acidobacteria	89% Acidobacteria	89% Acidobacteriales	89% Acidobacteriaceae	89% Acidobacterium 89%
MA02-P03-G08	Proteobacteria	92% Alphaproteobacteria	44% Rhodospirillales	26% Rhodospirillaceae	15% Skermanella 7%
MA02-P03-G09	Proteobacteria	29% Gammaproteobacteria	13% Pasteurellales	4% Pasteurellaceae	4% Gallibacterium 4%
MA02-P03-G10	Proteobacteria	37% Deltaproteobacteria	35% Syntrophobacterales	31% Syntrophobacteraceae	31% Desulfovirga 19%
MA02-P03-G11	Acidobacteria	74% Acidobacteria	74% Acidobacteriales	74% Acidobacteriaceae	74% Acidobacterium 74%
MA02-P03-H03	Proteobacteria	71% Deltaproteobacteria	61% Syntrophobacterales	58% Syntrophobacteraceae	58% Desulforhabdus 41%
MA02-P03-H05	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium 96%
MA02-P03-H07	Proteobacteria	79% Gammaproteobacteria	38% Xanthomonadales	24% Xanthomonadaceae	24% Thermomonas 23%
MA02-P03-H08	Proteobacteria	91% Gammaproteobacteria	57% Oceanospirillales	26% Oceanospirillaceae	14% Pseudospirillum 11%
MA02-P03-H09	Actinobacteria	67% Actinobacteria	67% Actinomycetales	56% Thermomonosporaceae	17% Spirillospora 17%
MA02-P03-H10	Acidobacteria	86% Acidobacteria	86% Acidobacteriales	86% Acidobacteriaceae	86% Acidobacterium 86%
MA02-P03-H11	Verrucomicrobia	23% Verrucomicrobiae	23% Verrucomicrobiales	23% Verrucomicrobiaceae	23% Verrucomicrobium 23%
MA02-P03-H12	Proteobacteria	81% Alphaproteobacteria	68% Rhizobiales	32% Hyphomicrobiaceae	10% Rhodoplanes 7%

### 3. PLACA MA03-PO4-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA03-P04-A01	Proteobacteria	85% Gammaproteobacteria	43% Xanthomonadales	25% Xanthomonadaceae	25% Thermomonas
MA03-P04-A03	Proteobacteria	44% Deltaproteobacteria	35% Syntrophobacterales	23% Syntrophobacteraceae	23% Desulforhabdus
MA03-P04-A04	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium
MA03-P04-A05	Nitrospira	86% Nitrospira	86% Nitrospirales	86% Nitrospiraceae	86% Nitrospira
MA03-P04-A06	Firmicutes	46% Clostridia	46% Clostridiales	30% Acidaminococcaceae	12% Allisonella
MA03-P04-A07	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium
MA03-P04-A08	Proteobacteria	89% Gammaproteobacteria	57% Oceanospirillales	35% Hahellaceae	29% Zooshikella
MA03-P04-A09	Proteobacteria	53% Deltaproteobacteria	18% Desulfobacterales	8% Desulfobacteraceae	8% Desulfofrigus
MA03-P04-A10	Deinococcus-Thermus	33% Deinococci	33% Thermales	33% Thermaceae	33% Oceanithermus
MA03-P04-A11	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	97% Hyphomicrobiaceae	94% Rhodoplanes
MA03-P04-A12	Acidobacteria	76% Acidobacteria	76% Acidobacteriales	76% Acidobacteriaceae	76% Acidobacterium
MA03-P04-B01	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium
MA03-P04-B02	Proteobacteria	81% Deltaproteobacteria	73% Desulfuromonales	31% Desulfuromonaceae	31% Malonomonas
MA03-P04-B04	Acidobacteria	37% Acidobacteria	37% Acidobacteriales	37% Acidobacteriaceae	37% Acidobacterium
MA03-P04-B05	Proteobacteria	46% Deltaproteobacteria	23% Myxococcales	8% Cystobacteraceae	7% Melittangium
MA03-P04-B06	Proteobacteria	35% Deltaproteobacteria	21% Syntrophobacterales	19% Syntrophobacteraceae	19% Desulfovira
MA03-P04-B07	Proteobacteria	28% Deltaproteobacteria	16% Myxococcales	7% Cystobacteraceae	6% Melittangium
MA03-P04-B09	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium
MA03-P04-B10	Gemmatimonadetes	85% Gemmatimonadetes	85% Gemmatimonadales	85% Gemmatimonadales	85% Gemmatimonas
MA03-P04-B11	Acidobacteria	68% Acidobacteria	68% Acidobacteriales	68% Acidobacteriaceae	68% Acidobacterium
MA03-P04-B12	Proteobacteria	41% Alphaproteobacteria	20% Rhodospirillales	9% Rhodospirillaceae	9% Tistrella
MA03-P04-C02	Proteobacteria	83% Alphaproteobacteria	40% Rhodospirillales	17% Rhodospirillaceae	9% Inquilinus
MA03-P04-C03	Proteobacteria	50% Deltaproteobacteria	25% Syntrophobacterales	19% Syntrophobacteraceae	18% Desulfacinum
MA03-P04-C04	Firmicutes	46% Clostridia	44% Clostridiales	43% Acidaminococcaceae	36% Allisonella
MA03-P04-C05	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Bradyrhizobiaceae	100% Nitrobacter
MA03-P04-C07	Acidobacteria	91% Acidobacteria	91% Acidobacteriales	91% Acidobacteriaceae	91% Acidobacterium
MA03-P04-C08	Proteobacteria	26% Gammaproteobacteria	11% Enterobacteriales	8% Enterobacteriaceae	8% Alterococcus
MA03-P04-C11	Proteobacteria	48% Deltaproteobacteria	37% Syntrophobacterales	33% Syntrophobacteraceae	33% Desulforhabdus
MA03-P04-C12	Verrucomicrobia	28% Verrucomicrobiae	28% Verrucomicrobiales	28% Verrucomicrobiaceae	27% Verrucomicrobium
MA03-P04-D02	Proteobacteria	47% Gammaproteobacteria	27% Chromatiales	19% Chromatiaceae	18% Rhabdochromatium

continuação

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA03-P04-D03	Gemmatimonadetes	90%	Gemmatimonadetes	90%	Gemmatimonadales	90%	Gemmatimonadales	90%	Gemmatimonas	90%
MA03-P04-D05	Proteobacteria	39%	Alphaproteobacteria	16%	Rhodospirillales	9%	Rhodospirillaceae	5%	Tistrella	5%
MA03-P04-D07	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	24%	Desulfobacterales	12%	Desulfobacteraceae	10%	Desulfococcus	3%
MA03-P04-D08	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	18%	Syntrophobacterales	9%	Syntrophobacteraceae	9%	Desulfacinum	9%
MA03-P04-D10	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	39%	Syntrophobacterales	24%	Syntrophobacteraceae	24%	Desulforhabdus	14%
MA03-P04-D11	Proteobacteria	35%	Deltaproteobacteria	15%	Desulfovibrionales	6%	Desulfovibrionaceae	3%	Bilophila	3%
MA03-P04-D12	Proteobacteria	80%	Alphaproteobacteria	54%	Sphingomonadales	24%	Sphingomonadaceae	24%	Zymomonas	21%
MA03-P04-E03	Proteobacteria	39%	Alphaproteobacteria	14%	Rhodospirillales	8%	Acetobacteraceae	6%	Teichococcus	2%
MA03-P04-E04	Proteobacteria	51%	Deltaproteobacteria	39%	Syntrophobacterales	36%	Syntrophobacteraceae	36%	Desulfovirga	19%
MA03-P04-E05	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MA03-P04-E06	Acidobacteria	96%	Acidobacteria	96%	Acidobacteriales	96%	Acidobacteriaceae	96%	Acidobacterium	96%
MA03-P04-E07	Proteobacteria	93%	Alphaproteobacteria	58%	Rhodospirillales	52%	Acetobacteraceae	43%	Teichococcus	18%
MA03-P04-E08	Acidobacteria	84%	Acidobacteria	84%	Acidobacteriales	84%	Acidobacteriaceae	84%	Acidobacterium	84%
MA03-P04-E09	Proteobacteria	36%	Gammaproteobacteria	16%	Xanthomonadales	8%	Xanthomonadaceae	8%	Thermomonas	5%
MA03-P04-E10	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA03-P04-E12	Proteobacteria	55%	Deltaproteobacteria	48%	Syntrophobacterales	40%	Syntrophobacteraceae	40%	Desulfacinum	18%
MA03-P04-F02	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	28%	Syntrophobacterales	12%	Syntrophobacteraceae	12%	Desulfacinum	12%
MA03-P04-F03	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA03-P04-F05	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfovibrionales	14%	Desulfohalobiaceae	14%	Desulfonatronovibrio	14%
MA03-P04-F06	Firmicutes	43%	Clostridia	38%	Clostridiales	38%	Acidaminococcaceae	16%	Succinispira	5%
MA03-P04-F07	Proteobacteria	33%	Alphaproteobacteria	17%	Sphingomonadales	6%	Sphingomonadaceae	6%	Sandaracinobacter	6%
MA03-P04-F12	Nitrospira	88%	Nitrospira	88%	Nitrospirales	88%	Nitrospiraceae	88%	Nitrospira	88%
MA03-P04-G01	Proteobacteria	45%	Gammaproteobacteria	18%	Enterobacteriales	17%	Enterobacteriaceae	17%	Alterococcus	17%
MA03-P04-G02	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MA03-P04-G03	Acidobacteria	90%	Acidobacteria	90%	Acidobacteriales	90%	Acidobacteriaceae	90%	Acidobacterium	90%
MA03-P04-G04	Proteobacteria	97%	Gammaproteobacteria	76%	Oceanospirillales	65%	Hahellaceae	43%	Zooshikella	43%
MA03-P04-G05	Acidobacteria	82%	Acidobacteria	82%	Acidobacteriales	82%	Acidobacteriaceae	82%	Acidobacterium	82%
MA03-P04-G07	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	44%	Syntrophobacterales	26%	Syntrophobacteraceae	26%	Desulfovirga	21%
MA03-P04-G08	Proteobacteria	75%	Deltaproteobacteria	63%	Myxococcales	40%	Cystobacteraceae	25%	Archangium	19%
MA03-P04-G09	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Bradyrhizobiaceae	97%	Afipia	90%
MA03-P04-G10	Proteobacteria	96%	Alphaproteobacteria	95%	Rhizobiales	95%	Hyphomicrobiaceae	85%	Rhodoplanes	85%
MA03-P04-G11	Proteobacteria	42%	Alphaproteobacteria	24%	Rhizobiales	14%	Hyphomicrobiaceae	9%	Rhodomicrobium	8%
MA03-P04-H01	Bacteroidetes	96%	Sphingobacteria	73%	Sphingobacteriales	73%	Flexibacteraceae	52%	Sporocytophaga	33%

conclusão

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA03-P04-H02	Proteobacteria	24%	Gammaproteobacteria	9%	Xanthomonadales	8%	Xanthomonadaceae	8%	Pseudoxanthomonas	5%
MA03-P04-H03	Acidobacteria	94%	Acidobacteria	94%	Acidobacteriales	94%	Acidobacteriaceae	94%	Acidobacterium	94%
MA03-P04-H05	Proteobacteria	48%	Gammaproteobacteria	22%	Chromatiales	11%	Chromatiaceae	11%	Thiorhodovibrio	10%
MA03-P04-H08	Proteobacteria	40%	Alphaproteobacteria	20%	Rhodospirillales	11%	Rhodospirillaceae	11%	Tistrella	7%
MA03-P04-H09	Proteobacteria	97%	Alphaproteobacteria	94%	Rhizobiales	91%	Methylocystaceae	81%	Methylocystis	76%
MA03-P04-H10	Acidobacteria	61%	Acidobacteria	61%	Acidobacteriales	61%	Acidobacteriaceae	61%	Acidobacterium	61%
MA03-P04-H11	Acidobacteria	87%	Acidobacteria	87%	Acidobacteriales	87%	Acidobacteriaceae	87%	Acidobacterium	87%



#### 4. PLACA MA04-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA04-P01-A01	Proteobacteria	80% Deltaproteobacteria	78% Syntrophobacterales	68% Syntrophobacteraceae	68% Desulfovira
MA04-P01-A02	Acidobacteria	88% Acidobacteria	88% Acidobacteriales	88% Acidobacteriaceae	88% Acidobacterium
MA04-P01-A03	Verrucomicrobia	34% Verrucomicrobiae	34% Verrucomicrobiales	34% Verrucomicrobiaceae	31% Verrucomicrobium
MA04-P01-A04	Proteobacteria	49% Deltaproteobacteria	33% Syntrophobacterales	25% Syntrophobacteraceae	25% Desulforhabdus
MA04-P01-A05	Proteobacteria	65% Deltaproteobacteria	51% Syntrophobacterales	29% Syntrophobacteraceae	29% Desulforhabdus
MA04-P01-A06	Proteobacteria	83% Deltaproteobacteria	63% Desulfobacterales	50% Desulfobacteraceae	47% Desulfobaba
MA04-P01-A07	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	19% Syntrophobacterales	12% Syntrophobacteraceae	12% Desulfacinum
MA04-P01-A08	Proteobacteria	67% Deltaproteobacteria	59% Syntrophobacterales	57% Syntrophobacteraceae	57% Desulfacinum
MA04-P01-A09	Proteobacteria	42% Alphaproteobacteria	22% Rhodospirillales	14% Rhodospirillaceae	11% Tistrella
MA04-P01-A11	Proteobacteria	83% Deltaproteobacteria	66% Myxococcales	31% Cystobacteraceae	23% Archangium
MA04-P01-A12	Acidobacteria	66% Acidobacteria	66% Acidobacteriales	66% Acidobacteriaceae	66% Acidobacterium
MA04-P01-B01	Proteobacteria	53% Alphaproteobacteria	28% Sphingomonadales	12% Sphingomonadaceae	12% Sandaracinobacter
MA04-P01-B02	Proteobacteria	93% Alphaproteobacteria	66% Rhodospirillales	62% Acetobacteraceae	47% Roseococcus
MA04-P01-B03	Proteobacteria	36% Alphaproteobacteria	16% Rhodospirillales	7% Rhodospirillaceae	4% Rhodospira
MA04-P01-B04	Proteobacteria	39% Deltaproteobacteria	18% Desulfovibrionales	8% Desulfohalobiaceae	8% Desulfonatronovibrio
MA04-P01-B05	Actinobacteria	40% Actinobacteria	40% Actinomycetales	27% Acidothermaceae	18% Acidothermus
MA04-P01-B06	Acidobacteria	39% Acidobacteria	39% Acidobacteriales	39% Acidobacteriaceae	39% Acidobacterium
MA04-P01-B07	Proteobacteria	66% Deltaproteobacteria	54% Syntrophobacterales	27% Syntrophobacteraceae	27% Desulforhabdus
MA04-P01-B09	Proteobacteria	36% Deltaproteobacteria	19% Desulfobacterales	7% Desulfobacteraceae	6% Desulfomusa
MA04-P01-B11	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	97% Burkholderiales	87% Incertae sedis	52% Thiomonas
MA04-P01-B12	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium
MA04-P01-C01	Acidobacteria	82% Acidobacteria	82% Acidobacteriales	82% Acidobacteriaceae	82% Acidobacterium
MA04-P01-C02	Acidobacteria	79% Acidobacteria	79% Acidobacteriales	79% Acidobacteriaceae	79% Acidobacterium
MA04-P01-C03	Proteobacteria	32% Deltaproteobacteria	18% Syntrophobacterales	6% Syntrophobacteraceae	6% Desulfacinum
MA04-P01-C04	Proteobacteria	32% Gammaproteobacteria	18% Acidithiobacillales	6% Acidithiobacillaceae	6% Acidithiobacillus
MA04-P01-C07	Proteobacteria	87% Gammaproteobacteria	41% Xanthomonadales	22% Xanthomonadaceae	22% Thermomonas
MA04-P01-C10	Proteobacteria	49% Gammaproteobacteria	19% Enterobacteriales	17% Enterobacteriaceae	17% Alterococcus
MA04-P01-C11	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	84% Burkholderiales	72% Alcaligenaceae	46% Sutterella
MA04-P01-C12	Proteobacteria	86% Alphaproteobacteria	53% Rhodospirillales	24% Rhodospirillaceae	17% Inquilinus
MA04-P01-D02	Proteobacteria	28% Deltaproteobacteria	13% Syntrophobacterales	7% Syntrophobacteraceae	7% Desulfacinum

continuação

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO
MA04-P01-D03	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	37%	Syntrophobacterales	25%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulforhabdus 17%
MA04-P01-D05	Actinobacteria	57%	Actinobacteria	57%	Acidimicrobiales	29%	Acidimicrobiaceae	29%	Acidimicrobium 29%
MA04-P01-D07	Actinobacteria	46%	Actinobacteria	46%	Actinomycetales	45%	Pseudonocardiaceae	19%	Actinoalloteichus 15%
MA04-P01-D08	Proteobacteria	20%	Deltaproteobacteria	9%	Syntrophobacterales	4%	Syntrophobacteraceae	4%	Desulfacinum 4%
MA04-P01-D09	Actinobacteria	47%	Actinobacteria	47%	Actinomycetales	22%	Nocardioidaceae	14%	Kribbella 9%
MA04-P01-D10	Firmicutes	55%	Clostridia	33%	Clostridiales	26%	Acidaminococcaceae	11%	Centipeda 2%
MA04-P01-D12	Actinobacteria	36%	Actinobacteria	36%	Actinomycetales	25%	Acidothermaceae	13%	Acidothermus 13%
MA04-P01-E01	Proteobacteria	57%	Alphaproteobacteria	29%	Sphingomonadales	15%	Sphingomonadaceae	15%	Sandaracinobacter 12%
MA04-P01-E02	Acidobacteria	89%	Acidobacteria	89%	Acidobacteriales	89%	Acidobacteriaceae	89%	Acidobacterium 89%
MA04-P01-E03	Acidobacteria	94%	Acidobacteria	94%	Acidobacteriales	94%	Acidobacteriaceae	94%	Acidobacterium 94%
MA04-P01-E05	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium 98%
MA04-P01-E06	Proteobacteria	66%	Deltaproteobacteria	48%	Syntrophobacterales	39%	Syntrophobacteraceae	39%	Desulfovira 23%
MA04-P01-E08	Proteobacteria	22%	Deltaproteobacteria	13%	Desulfobacterales	6%	Desulfobacteraceae	5%	Desulforegula 5%
MA04-P01-E09	Proteobacteria	30%	Deltaproteobacteria	14%	Myxococcales	10%	Haliangiaceae	6%	Haliangium 6%
MA04-P01-E10	Proteobacteria	52%	Gammaproteobacteria	27%	Acidithiobacillales	13%	Acidithiobacillaceae	13%	Acidithiobacillus 13%
MA04-P01-E12	Acidobacteria	67%	Acidobacteria	67%	Acidobacteriales	67%	Acidobacteriaceae	67%	Acidobacterium 67%
MA04-P01-F01	Proteobacteria	100%	Deltaproteobacteria	100%	Myxococcales	100%	Cystobacteraceae	100%	Melittangium 93%
MA04-P01-F02	Proteobacteria	91%	Alphaproteobacteria	70%	Rhizobiales	60%	Hyphomicrobiaceae	49%	Rhodoplanes 45%
MA04-P01-F04	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	96%	Burkholderiales	79%	Incertae sedis	39%	Schlegelella 25%
MA04-P01-F05	Firmicutes	51%	Clostridia	49%	Clostridiales	48%	Acidaminococcaceae	19%	Dialister 4%
MA04-P01-F07	Proteobacteria	32%	Alphaproteobacteria	16%	Rhodospirillales	11%	Acetobacteraceae	6%	Craurococcus 3%
MA04-P01-F08	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	99%	Incertae sedis	60%	Schlegelella 60%
MA04-P01-F09	Actinobacteria	36%	Actinobacteria	36%	Actinomycetales	28%	Acidothermaceae	17%	Acidothermus 17%
MA04-P01-F10	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	21%	Desulfobacterales	10%	Desulfobacteraceae	9%	Desulfofaba 6%
MA04-P01-F11	Proteobacteria	38%	Alphaproteobacteria	18%	Rhodospirillales	14%	Rhodospirillaceae	11%	Tistrella 8%
MA04-P01-G01	Proteobacteria	94%	Gammaproteobacteria	78%	Oceanospirillales	66%	Hahellaceae	63%	Zooshikella 63%
MA04-P01-G03	Proteobacteria	54%	Deltaproteobacteria	33%	Syntrophobacterales	33%	Syntrophobacteraceae	33%	Desulfacinum 18%
MA04-P01-G04	Bacteroidetes	100%	Sphingobacteria	99%	Sphingobacteriales	99%	Crenotrichaceae	98%	Chitinophaga 98%
MA04-P01-G05	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	93%	Rhizobiales	60%	Bradyrhizobiaceae	33%	Rhodoblastus 33%
MA04-P01-G06	Firmicutes	34%	Clostridia	21%	Clostridiales	21%	Lachnospiraceae	4%	Catonella 3%
MA04-P01-G08	Proteobacteria	92%	Alphaproteobacteria	75%	Rhodospirillales	45%	Rhodospirillaceae	45%	Skermanella 38%
MA04-P01-G09	Acidobacteria	85%	Acidobacteria	85%	Acidobacteriales	85%	Acidobacteriaceae	85%	Acidobacterium 85%
MA04-P01-G10	Proteobacteria	99%	Betaproteobacteria	95%	Burkholderiales	76%	Incertae sedis	75%	Schlegelella 74%

conclusão

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA04-P01-G11	Proteobacteria	87%	Alphaproteobacteria	67%	Rhizobiales	54%	Hyphomicrobiaceae	42%	Rhodoplanes	38%
MA04-P01-G12	Acidobacteria	69%	Acidobacteria	69%	Acidobacteriales	69%	Acidobacteriaceae	69%	Acidobacterium	69%
MA04-P01-H01	Proteobacteria	62%	Gammaproteobacteria	47%	Enterobacteriales	40%	Enterobacteriaceae	40%	Alterococcus	40%
MA04-P01-H03	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MA04-P01-H04	Proteobacteria	47%	Deltaproteobacteria	20%	Desulfobacterales	9%	Desulfobacteraceae	9%	Desulfofaba	4%
MA04-P01-H06	Proteobacteria	69%	Deltaproteobacteria	44%	Myxococcales	21%	Cystobacteraceae	14%	Melittangium	14%
MA04-P01-H07	Proteobacteria	85%	Alphaproteobacteria	43%	Rhodospirillales	21%	Rhodospirillaceae	19%	Tistrella	11%
MA04-P01-H08	Acidobacteria	29%	Acidobacteria	29%	Acidobacteriales	29%	Acidobacteriaceae	29%	Acidobacterium	29%
MA04-P01-H09	Proteobacteria	92%	Alphaproteobacteria	86%	Rhodospirillales	50%	Rhodospirillaceae	46%	Inquilinus	39%
MA04-P01-H10	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	20%	Syntrophobacterales	13%	Syntrophobacteraceae	13%	Desulfovira	6%
MA04-P01-H11	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Caulobacterales	100%	Caulobacteraceae	100%	Caulobacter	86%
MA04-P01-H12	Acidobacteria	89%	Acidobacteria	89%	Acidobacteriales	89%	Acidobacteriaceae	89%	Acidobacterium	89%

## 5. PLACA MA05-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA05-P01-A01	Acidobacteria	64%	Acidobacteria	64%	Acidobacteriales	64%	Acidobacteriaceae	64%	Acidobacterium	64%
MA05-P01-A02	Firmicutes	49%	Clostridia	32%	Clostridiales	25%	Clostridiaceae	19%	Tindallia	19%
MA05-P01-A03	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	91%	Oxalobacteraceae	76%	Janthinobacterium	45%
MA05-P01-A05	Verrucomicrobia	26%	Verrucomicrobiae	26%	Verrucomicrobiales	26%	Verrucomicrobiaceae	23%	Verrucomicrobium	22%
MA05-P01-A06	Proteobacteria	60%	Deltaproteobacteria	45%	Syntrophobacterales	44%	Syntrophobacteraceae	44%	Desulfovira	25%
MA05-P01-A07	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Acidobacterium	43%
MA05-P01-A08	Proteobacteria	39%	Alphaproteobacteria	19%	Rhodospirillales	11%	Rhodospirillaceae	8%	Tistrella	4%
MA05-P01-A09	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MA05-P01-A10	Gemmatimonadetes	80%	Gemmatimonadetes	80%	Gemmatimonadales	80%	Gemmatimonadales	80%	Gemmatimonas	80%
MA05-P01-A11	Proteobacteria	73%	Deltaproteobacteria	49%	Myxococcales	42%	Cystobacteraceae	33%	Archangium	19%
MA05-P01-B01	Proteobacteria	92%	Gammaproteobacteria	55%	Oceanospirillales	38%	Hahellaceae	32%	Zooshikella	32%
MA05-P01-B02	Firmicutes	41%	Clostridia	38%	Clostridiales	36%	Acidaminococcaceae	31%	Allisonella	18%
MA05-P01-B03	Proteobacteria	86%	Alphaproteobacteria	42%	Rhizobiales	25%	Hyphomicrobiaceae	11%	Starkeya	5%
MA05-P01-B04	Proteobacteria	96%	Deltaproteobacteria	86%	Myxococcales	48%	Polyangiaceae	46%	Chondromyces	46%
MA05-P01-B05	Proteobacteria	31%	Alphaproteobacteria	12%	Sphingomonadales	6%	Sphingomonadaceae	6%	Sandaracinobacter	6%
MA05-P01-B06	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	38%	Syntrophobacterales	35%	Syntrophobacteraceae	35%	Desulforhabdus	17%
MA05-P01-B07	Proteobacteria	49%	Deltaproteobacteria	39%	Syntrophobacterales	32%	Syntrophobacteraceae	32%	Desulfovira	20%
MA05-P01-B08	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	16%	Desulfovibrionales	8%	Desulfohalobiaceae	8%	Desulfonatronovibrio	8%
MA05-P01-B09	Proteobacteria	57%	Alphaproteobacteria	22%	Rhodospirillales	11%	Rhodospirillaceae	11%	Rhodospira	7%
MA05-P01-B10	Proteobacteria	41%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	16%	Rhodospirillaceae	14%	Tistrella	11%
MA05-P01-B11	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	32%	Myxococcales	22%	Polyangiaceae	16%	Polyangium	16%
MA05-P01-B12	Acidobacteria	92%	Acidobacteria	92%	Acidobacteriales	92%	Acidobacteriaceae	92%	Acidobacterium	92%
MA05-P01-C01	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	98%	Oxalobacteraceae	85%	Duganella	78%
MA05-P01-C02	Gemmatimonadetes	96%	Gemmatimonadetes	96%	Gemmatimonadales	96%	Gemmatimonadales	96%	Gemmatimonas	96%
MA05-P01-C03	Firmicutes	37%	Clostridia	35%	Clostridiales	32%	Acidaminococcaceae	27%	Dialister	9%
MA05-P01-C04	Proteobacteria	99%	Alphaproteobacteria	99%	Caulobacterales	78%	Caulobacteraceae	78%	Phenylobacterium	48%
MA05-P01-C05	Gemmatimonadetes	70%	Gemmatimonadetes	70%	Gemmatimonadales	70%	Gemmatimonadales	70%	Gemmatimonas	70%
MA05-P01-C08	Proteobacteria	49%	Gammaproteobacteria	23%	Thiotrichales	17%	Thiotrichaceae	17%	Leucothrix	14%
MA05-P01-C09	Proteobacteria	51%	Deltaproteobacteria	22%	Desulfobacterales	12%	Desulfobacteraceae	12%	Desulfococcus	5%
MA05-P01-C11	Acidobacteria	60%	Acidobacteria	60%	Acidobacteriales	60%	Acidobacteriaceae	60%	Acidobacterium	60%

continuação

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA05-P01-C12	Proteobacteria	53%	Gammaproteobacteria	28%	Thiotrichales	13%	Thiotrichaceae	13%	Leucothrix	13%
MA05-P01-D01	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MA05-P01-D02	Proteobacteria	29%	Alphaproteobacteria	14%	Sphingomonadales	7%	Sphingomonadaceae	7%	Sandaracinobacter	7%
MA05-P01-D03	Acidobacteria	94%	Acidobacteria	94%	Acidobacteriales	94%	Acidobacteriaceae	94%	Acidobacterium	94%
MA05-P01-D04	Proteobacteria	99%	Betaproteobacteria	85%	Burkholderiales	77%	Incertae sedis	63%	Schlegelella	63%
MA05-P01-D05	Acidobacteria	91%	Acidobacteria	91%	Acidobacteriales	91%	Acidobacteriaceae	91%	Acidobacterium	91%
MA05-P01-D06	Firmicutes	40%	Clostridia	37%	Clostridiales	36%	Peptococcaceae	19%	Desulfonisporea	18%
MA05-P01-D07	Gemmatimonadetes	98%	Gemmatimonadetes	98%	Gemmatimonadales	98%	Gemmatimonadales	98%	Gemmatimonas	98%
MA05-P01-D08	Deinococcus-Thermus	24%	Deinococci	24%	Thermales	24%	Thermaceae	24%	Oceanithermus	11%
MA05-P01-D09	Gemmatimonadetes	93%	Gemmatimonadetes	93%	Gemmatimonadales	93%	Gemmatimonadales	93%	Gemmatimonas	93%
MA05-P01-D10	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	100%	Burkholderiaceae	100%	Burkholderia	100%
MA05-P01-D12	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	99%	Rhizobiales	96%	Hyphomicrobiaceae	90%	Pedomicrobium	64%
MA05-P01-E02	Proteobacteria	38%	Alphaproteobacteria	21%	Rhodospirillales	17%	Rhodospirillaceae	17%	Tistrella	16%
MA05-P01-E03	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MA05-P01-E04	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	92%	Burkholderiaceae	79%	Burkholderia	64%
MA05-P01-E05	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA05-P01-E06	Proteobacteria	45%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	14%	Acetobacteraceae	10%	Teichococcus	4%
MA05-P01-E07	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MA05-P01-E08	Acidobacteria	93%	Acidobacteria	93%	Acidobacteriales	93%	Acidobacteriaceae	93%	Acidobacterium	93%
MA05-P01-E09	Proteobacteria	93%	Gammaproteobacteria	58%	Oceanospirillales	45%	Hahellaceae	38%	Zooshikella	38%
MA05-P01-E11	Deinococcus-Thermus	29%	Deinococci	29%	Thermales	29%	Thermaceae	29%	Oceanithermus	22%
MA05-P01-E12	Firmicutes	50%	Clostridia	48%	Clostridiales	48%	Acidaminococcaceae	21%	Allisonella	10%
MA05-P01-F01	Proteobacteria	38%	Deltaproteobacteria	16%	Desulfovibrionales	8%	Desulfohalobiaceae	8%	Desulfonatronovibrio	8%
MA05-P01-F02	Proteobacteria	45%	Alphaproteobacteria	23%	Sphingomonadales	13%	Sphingomonadaceae	13%	Sandaracinobacter	11%
MA05-P01-F03	Proteobacteria	57%	Alphaproteobacteria	25%	Sphingomonadales	16%	Sphingomonadaceae	16%	Sandaracinobacter	14%
MA05-P01-F04	Proteobacteria	85%	Gammaproteobacteria	53%	Xanthomonadales	35%	Xanthomonadaceae	35%	Thermomonas	35%
MA05-P01-F05	Proteobacteria	95%	Deltaproteobacteria	95%	Myxococcales	95%	Cystobacteraceae	93%	Archangium	89%
MA05-P01-F06	Verrucomicrobia	38%	Verrucomicrobiae	38%	Verrucomicrobiales	38%	Verrucomicrobiaceae	38%	Verrucomicrobium	37%
MA05-P01-F07	Acidobacteria	93%	Acidobacteria	93%	Acidobacteriales	93%	Acidobacteriaceae	93%	Acidobacterium	93%
MA05-P01-F09	Proteobacteria	54%	Alphaproteobacteria	27%	Sphingomonadales	14%	Sphingomonadaceae	14%	Zymomonas	9%
MA05-P01-F10	Proteobacteria	28%	Gammaproteobacteria	15%	Xanthomonadales	9%	Xanthomonadaceae	9%	Lysobacter	5%
MA05-P01-F11	Proteobacteria	29%	Gammaproteobacteria	11%	Xanthomonadales	7%	Xanthomonadaceae	7%	Pseudoxanthomonas	4%
MA05-P01-F12	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%

conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA05-P01-G01	Proteobacteria	47% Deltaproteobacteria	37% Syntrophobacterales	33% Syntrophobacteraceae	33% Desulforhabdus	20%
MA05-P01-G02	Proteobacteria	27% Deltaproteobacteria	11% Myxococcales	6% Haliangiaceae	4% Haliangium	4%
MA05-P01-G03	Proteobacteria	32% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	20% Acetobacteraceae	15% Craurococcus	9%
MA05-P01-G04	Verrucomicrobia	23% Verrucomicrobiae	23% Verrucomicrobiales	23% Verrucomicrobiaceae	22% Verrucomicrobium	19%
MA05-P01-G06	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Ralstonia	100%
MA05-P01-G07	Gemmatimonadetes	72% Gemmatimonadetes	72% Gemmatimonadales	72% Gemmatimonadales	72% Gemmatimonas	72%
MA05-P01-G08	Proteobacteria	83% Deltaproteobacteria	68% Syntrophobacterales	41% Syntrophobacteraceae	41% Desulforhabdus	22%
MA05-P01-G09	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA05-P01-G10	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	96% Hyphomicrobiaceae	91% Rhodoplanes	84%
MA05-P01-G11	Proteobacteria	58% Alphaproteobacteria	42% Rhodospirillales	35% Rhodospirillaceae	20% Tistrella	20%
MA05-P01-G12	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA05-P01-H02	Proteobacteria	62% Deltaproteobacteria	52% Syntrophobacterales	38% Syntrophobacteraceae	37% Desulfovira	22%
MA05-P01-H04	Acidobacteria	92% Acidobacteria	92% Acidobacteriales	92% Acidobacteriaceae	92% Acidobacterium	92%
MA05-P01-H05	Proteobacteria	38% Deltaproteobacteria	26% Desulfovibrionales	13% Desulfohalobiaceae	13% Desulfonatronovibrio	13%
MA05-P01-H06	Proteobacteria	89% Deltaproteobacteria	88% Desulfobacterales	40% Desulfobacteraceae	35% Desulfobaba	29%
MA05-P01-H07	Proteobacteria	71% Gammaproteobacteria	28% Chromatiales	12% Chromatiaceae	8% Thiorhodococcus	3%
MA05-P01-H08	Proteobacteria	42% Gammaproteobacteria	16% Chromatiales	12% Chromatiaceae	7% Thiococcus	5%
MA05-P01-H09	Firmicutes	37% Clostridia	31% Clostridiales	30% Acidaminococcaceae	11% Anaerobaculum	4%
MA05-P01-H10	Proteobacteria	50% Alphaproteobacteria	26% Rhodospirillales	17% Rhodospirillaceae	12% Tistrella	9%
MA05-P01-H11	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%

## 6. PLACA MA06-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA06-P01-A01	Proteobacteria	70% Gammaproteobacteria	40% Enterobacteriales	40% Enterobacteriaceae	40% Alterococcus	40%
MA06-P01-A02	Proteobacteria	47% Alphaproteobacteria	25% Rhodospirillales	11% Rhodospirillaceae	11% Tistrella	11%
MA06-P01-A04	Proteobacteria	37% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	16% Rhodospirillaceae	12% Tistrella	9%
MA06-P01-A05	Proteobacteria	33% Alphaproteobacteria	17% Rhodospirillales	10% Rhodospirillaceae	6% Tistrella	4%
MA06-P01-A06	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA06-P01-A07	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA06-P01-A10	Actinobacteria	77% Actinobacteria	77% Actinomycetales	70% Acidothermaceae	21% Acidothermus	21%
MA06-P01-A11	Proteobacteria	25% Alphaproteobacteria	14% Rhodospirillales	10% Rhodospirillaceae	7% Tistrella	5%
MA06-P01-A12	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	94% Bradyrhizobiaceae	59% Blastobacter	44%
MA06-P01-B01	Proteobacteria	46% Deltaproteobacteria	33% Syntrophobacterales	29% Syntrophobacteraceae	29% Desulforhabdus	15%
MA06-P01-B02	Proteobacteria	51% Alphaproteobacteria	16% Sphingomonadales	6% Sphingomonadaceae	6% Erythromicrobium	3%
MA06-P01-B03	Proteobacteria	95% Gammaproteobacteria	89% Chromatiales	46% Ectothiorhodospiraceae	43% Nitrococcus	22%
MA06-P01-B04	Proteobacteria	100% Deltaproteobacteria	99% Myxococcales	99% Cystobacteraceae	99% Melittangium	93%
MA06-P01-B05	Firmicutes	38% Clostridia	37% Clostridiales	35% Peptostreptococcaceae	10% Sedimentibacter	8%
MA06-P01-B06	Proteobacteria	99% Deltaproteobacteria	99% Myxococcales	99% Cystobacteraceae	99% Melittangium	92%
MA06-P01-B07	Proteobacteria	62% Deltaproteobacteria	48% Syntrophobacterales	46% Syntrophobacteraceae	46% Desulforhabdus	30%
MA06-P01-B08	Firmicutes	27% Clostridia	27% Clostridiales	14% Acidaminococcaceae	8% Succiniclasticum	2%
MA06-P01-B09	Proteobacteria	57% Gammaproteobacteria	23% Enterobacteriales	17% Enterobacteriaceae	17% Alterococcus	17%
MA06-P01-B10	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA06-P01-C02	Acidobacteria	64% Acidobacteria	64% Acidobacteriales	64% Acidobacteriaceae	64% Acidobacterium	64%
MA06-P01-C04	Verrucomicrobia	27% Verrucomicrobiae	27% Verrucomicrobiales	27% Verrucomicrobiaceae	24% Verrucomicrobium	24%
MA06-P01-C05	Proteobacteria	38% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	11% Rhodospirillaceae	11% Tistrella	9%
MA06-P01-C06	Proteobacteria	44% Alphaproteobacteria	20% Rhodospirillales	9% Rhodospirillaceae	9% Tistrella	9%
MA06-P01-C07	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium	93%
MA06-P01-C08	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA06-P01-C09	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium	99%
MA06-P01-C10	Proteobacteria	46% Gammaproteobacteria	20% Chromatiales	16% Chromatiaceae	14% Thiorhodococcus	6%
MA06-P01-C12	Proteobacteria	45% Gammaproteobacteria	18% Oceanospirillales	5% Oceanospirillaceae	5% Neptunomonas	3%
MA06-P01-D01	Proteobacteria	42% Deltaproteobacteria	27% Syntrophobacterales	24% Syntrophobacteraceae	24% Desulfovira	18%
MA06-P01-D02	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	79% Burkholderiales	69% Burkholderiaceae	36% Limnobacter	25%

continuação

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA06-P01-D03	Acidobacteria	56% Acidobacteria	56% Acidobacteriales	56% Acidobacteriaceae	56% Acidobacterium
MA06-P01-D04	Acidobacteria	88% Acidobacteria	88% Acidobacteriales	88% Acidobacteriaceae	88% Acidobacterium
MA06-P01-D05	Proteobacteria	55% Deltaproteobacteria	21% Desulfobacterales	12% Desulfobulbaceae	6% Desulfostipes
MA06-P01-D06	Proteobacteria	70% Deltaproteobacteria	60% Syntrophobacterales	43% Syntrophobacteraceae	43% Desulfotomaculum
MA06-P01-D08	Acidobacteria	62% Acidobacteria	62% Acidobacteriales	62% Acidobacteriaceae	62% Acidobacterium
MA06-P01-D09	Acidobacteria	84% Acidobacteria	84% Acidobacteriales	84% Acidobacteriaceae	84% Acidobacterium
MA06-P01-D10	Proteobacteria	31% Alphaproteobacteria	15% Rhodospirillales	9% Acetobacteraceae	6% Teichococcus
MA06-P01-D11	Proteobacteria	70% Alphaproteobacteria	38% Rhizobiales	13% Methylocystaceae	6% Methylocystis
MA06-P01-D12	Proteobacteria	95% Alphaproteobacteria	89% Rhizobiales	53% Hyphomicrobiaceae	47% Rhodoplanes
MA06-P01-E01	Proteobacteria	23% Alphaproteobacteria	12% Rhodospirillales	5% Rhodospirillaceae	3% Tistrella
MA06-P01-E02	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium
MA06-P01-E03	Proteobacteria	98% Deltaproteobacteria	98% Myxococcales	98% Cystobacteraceae	98% Melittangium
MA06-P01-E04	Proteobacteria	38% Gammaproteobacteria	21% Chromatiales	16% Chromatiaceae	15% Thiococcus
MA06-P01-E05	Proteobacteria	33% Deltaproteobacteria	14% Syntrophobacterales	10% Syntrophobacteraceae	10% Desulfacinum
MA06-P01-E06	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium
MA06-P01-E07	Proteobacteria	51% Alphaproteobacteria	22% Rhodospirillales	13% Acetobacteraceae	7% Teichococcus
MA06-P01-E08	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium
MA06-P01-E09	Acidobacteria	81% Acidobacteria	81% Acidobacteriales	81% Acidobacteriaceae	81% Acidobacterium
MA06-P01-E10	Proteobacteria	81% Alphaproteobacteria	43% Caulobacterales	22% Caulobacteraceae	22% Phenyllobacterium
MA06-P01-E11	Proteobacteria	50% Deltaproteobacteria	29% Syntrophobacterales	15% Syntrophobacteraceae	15% Desulfotomaculum
MA06-P01-E12	Proteobacteria	48% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	11% Acetobacteraceae	11% Teichococcus
MA06-P01-F01	Actinobacteria	100% Actinobacteria	100% Rubrobacterales	100% Rubrobacteraceae	100% Conexibacter
MA06-P01-F02	Proteobacteria	57% Gammaproteobacteria	20% Enterobacteriales	9% Enterobacteriaceae	9% Alterococcus
MA06-P01-F03	Acidobacteria	30% Acidobacteria	30% Acidobacteriales	30% Acidobacteriaceae	30% Acidobacterium
MA06-P01-F05	Proteobacteria	84% Deltaproteobacteria	72% Syntrophobacterales	56% Syntrophobacteraceae	56% Desulfotomaculum
MA06-P01-F06	Acidobacteria	32% Acidobacteria	32% Acidobacteriales	32% Acidobacteriaceae	32% Acidobacterium
MA06-P01-F07	Proteobacteria	35% Deltaproteobacteria	21% Myxococcales	10% Polyangiaceae	8% Polyangium
MA06-P01-F08	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium
MA06-P01-F09	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	26% Desulfotomaculales	11% Desulfotomaculaceae	11% Desulfonatronovibrio
MA06-P01-F10	Proteobacteria	97% Gammaproteobacteria	91% Oceanospirillales	86% Hahellaceae	85% Zooshikella
MA06-P01-F11	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	94% Burkholderiales	87% Incertae sedis	44% Schlegelella
MA06-P01-G01	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium
MA06-P01-G02	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium



conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA06-P01-G03	Proteobacteria	36% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	12% Acetobacteraceae	11% Acidisphaera	4%
MA06-P01-G04	Proteobacteria	42% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	12% Rhodospirillaceae	9% Tistrella	7%
MA06-P01-G05	Proteobacteria	88% Alphaproteobacteria	75% Rhizobiales	33% Bradyrhizobiaceae	16% Blastobacter	11%
MA06-P01-G07	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium	94%
MA06-P01-G08	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium	99%
MA06-P01-G09	Proteobacteria	91% Alphaproteobacteria	88% Rhodospirillales	36% Rhodospirillaceae	36% Inquilinus	36%
MA06-P01-G10	Acidobacteria	84% Acidobacteria	84% Acidobacteriales	84% Acidobacteriaceae	84% Acidobacterium	84%
MA06-P01-G12	Proteobacteria	45% Deltaproteobacteria	29% Myxococcales	12% Polyangiaceae	10% Polyangium	10%
MA06-P01-H02	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	79% Burkholderiales	71% Incertae sedis	48% Schlegelella	44%
MA06-P01-H04	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA06-P01-H05	Proteobacteria	83% Alphaproteobacteria	47% Rhodospirillales	21% Rhodospirillaceae	20% Inquilinus	12%
MA06-P01-H06	Proteobacteria	87% Alphaproteobacteria	55% Rhodospirillales	34% Rhodospirillaceae	32% Rhodospira	15%
MA06-P01-H07	Firmicutes	30% Clostridia	29% Clostridiales	25% Lachnospiraceae	19% Roseburia	7%
MA06-P01-H08	Bacteroidetes	87% Sphingobacteria	73% Sphingobacteriales	73% Flexibacteraceae	38% Sporocytophaga	30%
MA06-P01-H10	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium	98%
MA06-P01-H11	Proteobacteria	47% Deltaproteobacteria	35% Syntrophobacterales	26% Syntrophobacteraceae	26% Desulfovirga	12%
MA06-P01-H12	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%

# 7. PLACA MA07-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA07-P01-A01	Proteobacteria	41% Gammaproteobacteria	16% Enterobacteriales	7% Enterobacteriaceae	7% Alterococcus
MA07-P01-A02	Proteobacteria	83% Alphaproteobacteria	41% Rhodospirillales	18% Rhodospirillaceae	18% Tistrella
MA07-P01-A03	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	95% Burkholderiales	93% Incertae sedis	92% Schlegelella
MA07-P01-A05	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	90% Rhizobiales	71% Methylocystaceae	34% Methylocystis
MA07-P01-A06	Nitrospira	91% Nitrospira	91% Nitrospirales	91% Nitrospiraceae	91% Nitrospira
MA07-P01-A07	Acidobacteria	67% Acidobacteria	67% Acidobacteriales	67% Acidobacteriaceae	67% Acidobacterium
MA07-P01-A08	Proteobacteria	55% Alphaproteobacteria	23% Rhodospirillales	21% Rhodospirillaceae	13% Tistrella
MA07-P01-A09	Proteobacteria	50% Deltaproteobacteria	37% Syntrophobacteriales	35% Syntrophobacteraceae	35% Desulforhabdus
MA07-P01-A10	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium
MA07-P01-A11	Proteobacteria	51% Deltaproteobacteria	24% Desulfuromonales	8% Desulfuromonaceae	8% Malonomonas
MA07-P01-A12	Proteobacteria	60% Alphaproteobacteria	30% Rhizobiales	24% Methylocystaceae	13% Methylocystis
MA07-P01-B01	Proteobacteria	51% Deltaproteobacteria	34% Syntrophobacteriales	23% Syntrophobacteraceae	23% Desulforhabdus
MA07-P01-B02	Acidobacteria	91% Acidobacteria	91% Acidobacteriales	91% Acidobacteriaceae	91% Acidobacterium
MA07-P01-B03	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	96% Xanthomonadales	94% Xanthomonadaceae	94% Pseudoxanthomonas
MA07-P01-B04	Proteobacteria	39% Deltaproteobacteria	23% Myxococcales	14% Haliangiaceae	9% Haliangium
MA07-P01-B05	Proteobacteria	92% Alphaproteobacteria	53% Rhizobiales	21% Hyphomicrobiaceae	7% Ancylobacter
MA07-P01-B06	Firmicutes	39% Clostridia	36% Clostridiales	33% Syntrophomonadaceae	26% Anaerobaculum
MA07-P01-B07	Proteobacteria	28% Alphaproteobacteria	12% Rhodospirillales	9% Acetobacteraceae	6% Craurococcus
MA07-P01-B08	Proteobacteria	60% Alphaproteobacteria	50% Rhodospirillales	32% Rhodospirillaceae	16% Tistrella
MA07-P01-B09	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium
MA07-P01-B10	Proteobacteria	31% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	15% Acetobacteraceae	13% Craurococcus
MA07-P01-B11	Proteobacteria	86% Deltaproteobacteria	75% Desulfobacteriales	34% Desulfobulbaceae	24% Desulfotalea
MA07-P01-B12	Acidobacteria	90% Acidobacteria	90% Acidobacteriales	90% Acidobacteriaceae	90% Acidobacterium
MA07-P01-C01	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium
MA07-P01-C02	Proteobacteria	43% Deltaproteobacteria	39% Syntrophobacteriales	33% Syntrophobacteraceae	33% Desulfovira
MA07-P01-C03	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium
MA07-P01-C04	Firmicutes	43% Clostridia	42% Clostridiales	40% Acidaminococcaceae	13% Quinella
MA07-P01-C05	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium
MA07-P01-C07	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium
MA07-P01-C10	Proteobacteria	43% Deltaproteobacteria	27% Syntrophobacteriales	19% Syntrophobacteraceae	19% Desulforhabdus

continuação

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA07-P01-C11	Acidobacteria	50% Acidobacteria	50% Acidobacteriales	50% Acidobacteriaceae	50% Acidobacterium
MA07-P01-C12	Acidobacteria	62% Acidobacteria	62% Acidobacteriales	62% Acidobacteriaceae	62% Acidobacterium
MA07-P01-D01	Proteobacteria	96% Alphaproteobacteria	85% Rhizobiales	35% Bradyrhizobiaceae	21% Rhodoblastus
MA07-P01-D02	Proteobacteria	44% Alphaproteobacteria	26% Rhodospirillales	16% Rhodospirillaceae	11% Tistrella
MA07-P01-D04	Proteobacteria	55% Deltaproteobacteria	43% Syntrophobacteriales	31% Syntrophobacteraceae	31% Desulfovira
MA07-P01-D09	Proteobacteria	71% Gammaproteobacteria	60% Chromatiales	45% Ectothiorhodospiraceae	25% Arhodomonas
MA07-P01-D10	Acidobacteria	97% Acidobacteria	97% Acidobacteriales	97% Acidobacteriaceae	97% Acidobacterium
MA07-P01-D11	Proteobacteria	99% Gammaproteobacteria	79% Methylococcales	57% Methylococcaceae	57% Methylocaldum
MA07-P01-D12	Proteobacteria	98% Gammaproteobacteria	70% Chromatiales	29% Ectothiorhodospiraceae	24% Nitrococcus
MA07-P01-E01	Acidobacteria	89% Acidobacteria	89% Acidobacteriales	89% Acidobacteriaceae	89% Acidobacterium
MA07-P01-E03	Acidobacteria	86% Acidobacteria	86% Acidobacteriales	86% Acidobacteriaceae	86% Acidobacterium
MA07-P01-E04	Proteobacteria	39% Deltaproteobacteria	18% Myxococcales	12% Polyangiaceae	9% Polyangium
MA07-P01-E05	Acidobacteria	89% Acidobacteria	89% Acidobacteriales	89% Acidobacteriaceae	89% Acidobacterium
MA07-P01-E06	Proteobacteria	56% Deltaproteobacteria	31% Syntrophobacteriales	22% Syntrophobacteraceae	22% Desulfovira
MA07-P01-E08	Proteobacteria	42% Deltaproteobacteria	24% Myxococcales	15% Polyangiaceae	13% Polyangium
MA07-P01-E09	Acidobacteria	87% Acidobacteria	87% Acidobacteriales	87% Acidobacteriaceae	87% Acidobacterium
MA07-P01-E11	Acidobacteria	68% Acidobacteria	68% Acidobacteriales	68% Acidobacteriaceae	68% Acidobacterium
MA07-P01-E12	Proteobacteria	35% Alphaproteobacteria	12% Rhodospirillales	9% Acetobacteraceae	7% Craurococcus
MA07-P01-F02	Proteobacteria	42% Alphaproteobacteria	23% Rhodospirillales	10% Rhodospirillaceae	9% Tistrella
MA07-P01-F03	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium
MA07-P01-F06	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhodospirillales	100% Acetobacteraceae	100% Acidisphaera
MA07-P01-F07	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium
MA07-P01-F08	Gemmatimonadetes	96% Gemmatimonadetes	96% Gemmatimonadales	96% Gemmatimonadales	96% Gemmatimonas
MA07-P01-F09	Proteobacteria	47% Gammaproteobacteria	18% Enterobacteriales	18% Enterobacteriaceae	18% Alterococcus
MA07-P01-F10	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium
MA07-P01-F11	Acidobacteria	90% Acidobacteria	90% Acidobacteriales	90% Acidobacteriaceae	90% Acidobacterium
MA07-P01-F12	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium
MA07-P01-G02	Proteobacteria	43% Deltaproteobacteria	22% Syntrophobacteriales	14% Syntrophobacteraceae	14% Desulfacinum
MA07-P01-G03	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	96% Burkholderiales	72% Alcaligenaceae	40% Achromobacter
MA07-P01-G06	Acidobacteria	83% Acidobacteria	83% Acidobacteriales	83% Acidobacteriaceae	83% Acidobacterium
MA07-P01-G08	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	84% Rhodoplanes
MA07-P01-G09	Acidobacteria	72% Acidobacteria	72% Acidobacteriales	72% Acidobacteriaceae	72% Acidobacterium
MA07-P01-G10	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium

								conclusão
CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA	GÊNERO
MA07-P01-G11	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium 99%
MA07-P01-H03	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	99%	Burkholderiales	64%	Alcaligenaceae	35% Achromobacter 22%
MA07-P01-H07	Proteobacteria	81%	Alphaproteobacteria	41%	Rhizobiales	24%	Hyphomicrobiaceae	11% Starkeya 5%
MA07-P01-H08	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	85% Rhodoplanes 85%
MA07-P01-H09	Acidobacteria	64%	Acidobacteria	64%	Acidobacteriales	64%	Acidobacteriaceae	64% Acidobacterium 64%
MA07-P01-H10	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium 98%
MA07-P01-H11	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium 100%
MA07-P01-H12	Proteobacteria	54%	Alphaproteobacteria	27%	Rhodospirillales	13%	Rhodospirillaceae	8% Rhodospira 6%

## 8. PLACA MA08-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA08-P01-A01	Proteobacteria	43% Deltaproteobacteria	15% Syntrophobacterales	5% Syntrophobacteraceae	4% Desulfacinum	4%
MA08-P01-A02	Proteobacteria	57% Gammaproteobacteria	26% Chromatiales	21% Chromatiaceae	15% Thiocapsa	5%
MA08-P01-A03	Proteobacteria	100% Deltaproteobacteria	100% Myxococcales	100% Cystobacteraceae	100% Melittangium	65%
MA08-P01-A04	Proteobacteria	50% Gammaproteobacteria	36% Chromatiales	20% Ectothiorhodospiraceae	11% Alcalilimnicola	5%
MA08-P01-A06	Acidobacteria	55% Acidobacteria	55% Acidobacteriales	55% Acidobacteriaceae	55% Acidobacterium	55%
MA08-P01-A09	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium	96%
MA08-P01-A11	Acidobacteria	90% Acidobacteria	90% Acidobacteriales	90% Acidobacteriaceae	90% Acidobacterium	90%
MA08-P01-A12	Firmicutes	27% Bacilli	19% Bacillales	19% Paenibacillaceae	19% Thermicanus	17%
MA08-P01-B01	Proteobacteria	37% Deltaproteobacteria	24% Syntrophobacterales	20% Syntrophobacteraceae	20% Desulfovira	12%
MA08-P01-B02	Proteobacteria	68% Alphaproteobacteria	35% Rhodospirillales	20% Rhodospirillaceae	18% Inquilinus	18%
MA08-P01-B03	Proteobacteria	44% Deltaproteobacteria	34% Syntrophobacterales	21% Syntrophobacteraceae	21% Desulforhabdus	14%
MA08-P01-B04	Proteobacteria	38% Deltaproteobacteria	24% Syntrophobacterales	17% Syntrophobacteraceae	17% Desulfovira	11%
MA08-P01-B05	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	92% Burkholderiales	87% Incertae sedis	75% Schlegelella	66%
MA08-P01-B06	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	11% Acetobacteraceae	6% Acidisphaera	3%
MA08-P01-B07	Proteobacteria	45% Deltaproteobacteria	31% Syntrophobacterales	19% Syntrophobacteraceae	19% Desulfacinum	8%
MA08-P01-B09	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Sphingomonadales	99% Sphingomonadaceae	99% Novosphingobium	95%
MA08-P01-B10	Proteobacteria	35% Deltaproteobacteria	21% Desulfovibrionales	8% Desulfohalobiaceae	8% Desulfonatronovibrio	8%
MA08-P01-B12	Proteobacteria	84% Gammaproteobacteria	39% Xanthomonadales	33% Xanthomonadaceae	33% Thermomonas	31%
MA08-P01-C02	Proteobacteria	78% Gammaproteobacteria	51% Enterobacteriales	39% Enterobacteriaceae	39% Alterococcus	39%
MA08-P01-C03	Proteobacteria	27% Alphaproteobacteria	12% Sphingomonadales	6% Sphingomonadaceae	6% Sandaracinobacter	6%
MA08-P01-C04	Acidobacteria	82% Acidobacteria	82% Acidobacteriales	82% Acidobacteriaceae	82% Acidobacterium	82%
MA08-P01-C05	Acidobacteria	92% Acidobacteria	92% Acidobacteriales	92% Acidobacteriaceae	92% Acidobacterium	92%
MA08-P01-C09	Proteobacteria	49% Gammaproteobacteria	28% Chromatiales	18% Chromatiaceae	11% Thiohalocapsa	6%
MA08-P01-C10	Bacteroidetes	85% Sphingobacteria	65% Sphingobacteriales	65% Flexibacteraceae	42% Sporocytophaga	15%
MA08-P01-C11	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	75% Burkholderiales	67% Incertae sedis	48% Schlegelella	45%
MA08-P01-C12	Acidobacteria	63% Acidobacteria	63% Acidobacteriales	63% Acidobacteriaceae	63% Acidobacterium	63%
MA08-P01-D01	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA08-P01-D02	Bacteroidetes	89% Sphingobacteria	77% Sphingobacteriales	77% Flexibacteraceae	53% Sporocytophaga	47%
MA08-P01-D03	Proteobacteria	74% Deltaproteobacteria	63% Syntrophobacterales	43% Syntrophobacteraceae	43% Desulfovira	29%
MA08-P01-D06	Proteobacteria	34% Alphaproteobacteria	14% Sphingomonadales	8% Sphingomonadaceae	8% Sandaracinobacter	7%

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA08-P01-D07	Proteobacteria	79%	Alphaproteobacteria	46%	Caulobacterales	19%	Caulobacteraceae	19%	Phenylobacterium	19%
MA08-P01-D09	Firmicutes	39%	Clostridia	39%	Clostridiales	38%	Acidaminococcaceae	15%	Dialister	6%
MA08-P01-D11	Proteobacteria	29%	Deltaproteobacteria	17%	Myxococcales	15%	Haliangiaceae	8%	Haliangium	8%
MA08-P01-D12	Proteobacteria	99%	Alphaproteobacteria	99%	Rhizobiales	97%	Bradyrhizobiaceae	60%	Blastobacter	38%
MA08-P01-E01	Acidobacteria	92%	Acidobacteria	92%	Acidobacteriales	92%	Acidobacteriaceae	92%	Acidobacterium	92%
MA08-P01-E02	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MA08-P01-E03	Proteobacteria	37%	Alphaproteobacteria	22%	Rhodospirillales	14%	Rhodospirillaceae	8%	Tistrella	5%
MA08-P01-E05	Acidobacteria	66%	Acidobacteria	66%	Acidobacteriales	66%	Acidobacteriaceae	66%	Acidobacterium	66%
MA08-P01-E06	Proteobacteria	98%	Deltaproteobacteria	97%	Myxococcales	97%	Cystobacteraceae	97%	Melittangium	88%
MA08-P01-E07	Proteobacteria	46%	Alphaproteobacteria	27%	Rhodospirillales	18%	Rhodospirillaceae	11%	Tistrella	10%
MA08-P01-E09	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA08-P01-E10	Proteobacteria	99%	Deltaproteobacteria	99%	Myxococcales	99%	Cystobacteraceae	99%	Melittangium	93%
MA08-P01-E11	Proteobacteria	28%	Deltaproteobacteria	12%	Desulfobacterales	6%	Desulfobacteraceae	6%	Desulfofaba	5%
MA08-P01-F01	Proteobacteria	40%	Deltaproteobacteria	27%	Desulfobacterales	11%	Desulfobacteraceae	11%	Desulforegula	10%
MA08-P01-F03	Proteobacteria	90%	Alphaproteobacteria	75%	Rhizobiales	36%	Bradyrhizobiaceae	24%	Blastobacter	12%
MA08-P01-F04	Gemmatimonadetes	62%	Gemmatimonadetes	62%	Gemmatimonadales	62%	Gemmatimonadales	62%	Gemmatimonas	62%
MA08-P01-F05	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	100%	Rhodoplanes	86%
MA08-P01-F06	Proteobacteria	50%	Alphaproteobacteria	23%	Rhodospirillales	17%	Rhodospirillaceae	9%	Tistrella	8%
MA08-P01-F07	Proteobacteria	33%	Alphaproteobacteria	17%	Rhodospirillales	13%	Rhodospirillaceae	8%	Tistrella	6%
MA08-P01-F08	Proteobacteria	46%	Deltaproteobacteria	36%	Syntrophobacterales	18%	Syntrophobacteraceae	18%	Desulfovira	13%
MA08-P01-F09	Acidobacteria	71%	Acidobacteria	71%	Acidobacteriales	71%	Acidobacteriaceae	71%	Acidobacterium	71%
MA08-P01-F11	Proteobacteria	53%	Deltaproteobacteria	45%	Syntrophobacterales	39%	Syntrophobacteraceae	39%	Desulforhabdus	21%
MA08-P01-F12	Acidobacteria	63%	Acidobacteria	63%	Acidobacteriales	63%	Acidobacteriaceae	63%	Acidobacterium	63%
MA08-P01-G01	Proteobacteria	94%	Deltaproteobacteria	80%	Syntrophobacterales	43%	Syntrophobacteraceae	43%	Desulforhabdus	20%
MA08-P01-G02	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	31%	Syntrophobacterales	25%	Syntrophobacteraceae	25%	Desulforhabdus	23%
MA08-P01-G04	Acidobacteria	99%	Acidobacteria	99%	Acidobacteriales	99%	Acidobacteriaceae	99%	Acidobacterium	99%
MA08-P01-G05	Proteobacteria	82%	Alphaproteobacteria	46%	Rhizobiales	26%	Hyphomicrobiaceae	12%	Rhodoplanes	6%
MA08-P01-G06	Acidobacteria	83%	Acidobacteria	83%	Acidobacteriales	83%	Acidobacteriaceae	83%	Acidobacterium	83%
MA08-P01-G07	Acidobacteria	100%	Acidobacteria	100%	Acidobacteriales	100%	Acidobacteriaceae	100%	Acidobacterium	100%
MA08-P01-G08	Proteobacteria	60%	Alphaproteobacteria	28%	Rhodospirillales	27%	Acetobacteraceae	18%	Teichococcus	8%
MA08-P01-G12	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA08-P01-H02	Proteobacteria	99%	Deltaproteobacteria	99%	Myxococcales	99%	Cystobacteraceae	99%	Melittangium	57%
MA08-P01-H03	Proteobacteria	42%	Deltaproteobacteria	23%	Myxococcales	8%	Polyangiaceae	5%	Polyangium	5%

conclusão

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA08-P01-H05	Acidobacteria	38%	Acidobacteria	38%	Acidobacteriales	38%	Acidobacteriaceae	38%	Acidobacterium	38%
MA08-P01-H06	Proteobacteria	33%	Gammaproteobacteria	23%	Enterobacteriales	20%	Enterobacteriaceae	20%	Alterococcus	20%
MA08-P01-H07	Proteobacteria	26%	Alphaproteobacteria	11%	Rhodospirillales	8%	Acetobacteraceae	8%	Craurococcus	5%
MA08-P01-H10	Bacteroidetes	35%	Sphingobacteria	27%	Sphingobacteriales	27%	Flammeovirgaceae	12%	Flexithrix	12%
MA08-P01-H11	Proteobacteria	53%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	23%	Acetobacteraceae	16%	Teichococcus	9%
MA08-P01-H12	Proteobacteria	96%	Deltaproteobacteria	95%	Myxococcales	95%	Cystobacteraceae	95%	Melittangium	91%

# 9. PLACA MA09-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA09-P01-A02	Proteobacteria	61% Gammaproteobacteria	28% Chromatiales	19% Chromatiaceae	15% Rhodochromatium 6%
MA09-P01-A03	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium 100%
MA09-P01-A04	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	26% Syntrophobacterales	17% Syntrophobacteraceae	17% Desulfacinum 17%
MA09-P01-A05	Proteobacteria	37% Alphaproteobacteria	19% Sphingomonadales	9% Sphingomonadaceae	9% Sandaracinobacter 7%
MA09-P01-A07	Acidobacteria	38% Acidobacteria	38% Acidobacteriales	38% Acidobacteriaceae	38% Acidobacterium 38%
MA09-P01-A08	Proteobacteria	46% Deltaproteobacteria	35% Syntrophobacterales	19% Syntrophobacteraceae	19% Desulfovira 9%
MA09-P01-A09	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	95% Rhizobiales	94% Beijerinckiaceae	34% Beijerinckia 34%
MA09-P01-A10	Proteobacteria	89% Deltaproteobacteria	84% Syntrophobacterales	42% Syntrophobacteraceae	42% Desulforhabdus 23%
MA09-P01-A11	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	72% Burkholderiales	66% Incertae sedis	52% Schlegelella 49%
MA09-P01-A12	Proteobacteria	45% Alphaproteobacteria	32% Sphingomonadales	16% Sphingomonadaceae	16% Sandaracinobacter 16%
MA09-P01-B01	Proteobacteria	59% Deltaproteobacteria	46% Syntrophobacterales	35% Syntrophobacteraceae	35% Desulfovira 16%
MA09-P01-B02	Firmicutes	49% Clostridia	48% Clostridiales	48% Acidaminococcaceae	21% Dialister 7%
MA09-P01-B03	Acidobacteria	50% Acidobacteria	50% Acidobacteriales	50% Acidobacteriaceae	50% Acidobacterium 50%
MA09-P01-B05	Proteobacteria	62% Deltaproteobacteria	59% Syntrophobacterales	57% Syntrophobacteraceae	57% Desulfovira 41%
MA09-P01-B06	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium 100%
MA09-P01-B09	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	98% Rhizobiales	97% Hyphomicrobiaceae	83% Rhodoplanes 74%
MA09-P01-B11	Proteobacteria	40% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	13% Rhodospirillaceae	9% Tistrella 6%
MA09-P01-B12	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium 99%
MA09-P01-C01	Acidobacteria	55% Acidobacteria	55% Acidobacteriales	55% Acidobacteriaceae	55% Acidobacterium 55%
MA09-P01-C02	Proteobacteria	40% Alphaproteobacteria	19% Rhodospirillales	12% Rhodospirillaceae	6% Tistrella 3%
MA09-P01-C03	Proteobacteria	47% Deltaproteobacteria	34% Syntrophobacterales	17% Syntrophobacteraceae	17% Desulforhabdus 9%
MA09-P01-C04	Proteobacteria	33% Alphaproteobacteria	10% Rhodospirillales	6% Acetobacteraceae	4% Craurococcus 2%
MA09-P01-C06	Proteobacteria	53% Gammaproteobacteria	33% Chromatiales	16% Chromatiaceae	9% Rhodochromatium 2%
MA09-P01-C07	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium 100%
MA09-P01-C08	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium 95%
MA09-P01-C10	Bacteroidetes	87% Sphingobacteria	67% Sphingobacteriales	67% Flexibacteraceae	51% Sporocytophaga 21%
MA09-P01-C11	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium 93%
MA09-P01-C12	Proteobacteria	36% Alphaproteobacteria	18% Rhodospirillales	9% Rhodospirillaceae	7% Tistrella 4%
MA09-P01-D01	Proteobacteria	97% Gammaproteobacteria	88% Oceanospirillales	82% Hahellaceae	74% Zooshikella 74%
MA09-P01-D02	Proteobacteria	45% Alphaproteobacteria	19% Rhodospirillales	13% Rhodospirillaceae	11% Tistrella 10%



continuação

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA09-P01-D04	Proteobacteria	37%	Gammaproteobacteria	17%	Enterobacteriales	9%	Enterobacteriaceae	9%	Alterococcus	9%
MA09-P01-D05	Proteobacteria	34%	Alphaproteobacteria	15%	Rhodospirillales	8%	Acetobacteraceae	6%	Teichococcus	5%
MA09-P01-D06	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	16%	Syntrophobacterales	9%	Syntrophobacteraceae	9%	Desulforhabdus	7%
MA09-P01-D08	Proteobacteria	59%	Deltaproteobacteria	40%	Syntrophobacterales	35%	Syntrophobacteraceae	35%	Desulfovirga	20%
MA09-P01-D09	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	100%	Burkholderiaceae	100%	Burkholderia	100%
MA09-P01-D10	Proteobacteria	73%	Alphaproteobacteria	47%	Caulobacterales	19%	Caulobacteraceae	19%	Phenylobacterium	19%
MA09-P01-D11	Proteobacteria	23%	Deltaproteobacteria	9%	Myxococcales	6%	Cystobacteraceae	6%	Archangium	6%
MA09-P01-D12	Proteobacteria	22%	Deltaproteobacteria	13%	Syntrophobacterales	8%	Syntrophobacteraceae	8%	Desulforhabdus	4%
MA09-P01-E01	Proteobacteria	30%	Deltaproteobacteria	18%	Desulfuromonales	6%	Desulfuromonaceae	6%	Malonomonas	6%
MA09-P01-E02	Proteobacteria	31%	Alphaproteobacteria	10%	Rhodospirillales	9%	Rhodospirillaceae	5%	Rhodospira	3%
MA09-P01-E03	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Hyphomicrobiaceae	90%	Rhodoplanes	88%
MA09-P01-E04	Proteobacteria	45%	Alphaproteobacteria	24%	Sphingomonadales	11%	Sphingomonadaceae	11%	Sandaracinobacter	11%
MA09-P01-E05	Proteobacteria	96%	Gammaproteobacteria	53%	Oceanospirillales	38%	Hahellaceae	37%	Zooshikella	37%
MA09-P01-E06	Proteobacteria	26%	Alphaproteobacteria	12%	Rhizobiales	5%	Rhodobiaceae	2%	Rhodobium	2%
MA09-P01-E07	Gemmatimonadetes	36%	Gemmatimonadetes	36%	Gemmatimonadales	36%	Gemmatimonadales	36%	Gemmatimonas	36%
MA09-P01-E08	Proteobacteria	99%	Alphaproteobacteria	99%	Caulobacterales	89%	Caulobacteraceae	89%	Phenylobacterium	55%
MA09-P01-E09	Acidobacteria	95%	Acidobacteria	95%	Acidobacteriales	95%	Acidobacteriaceae	95%	Acidobacterium	95%
MA09-P01-E10	Firmicutes	30%	Clostridia	27%	Clostridiales	19%	Peptococcaceae	10%	Pelotomaculum	10%
MA09-P01-E11	Proteobacteria	90%	Alphaproteobacteria	71%	Rhizobiales	47%	Hyphomicrobiaceae	32%	Ancylobacter	23%
MA09-P01-E12	Proteobacteria	34%	Deltaproteobacteria	20%	Desulfovibrionales	9%	Desulfohalobiaceae	9%	Desulfonatronovibrio	9%
MA09-P01-F01	Acidobacteria	90%	Acidobacteria	90%	Acidobacteriales	90%	Acidobacteriaceae	90%	Acidobacterium	90%
MA09-P01-F02	Proteobacteria	50%	Deltaproteobacteria	44%	Syntrophobacterales	43%	Syntrophobacteraceae	43%	Desulforhabdus	22%
MA09-P01-F03	Verrucomicrobia	28%	Verrucomicrobiae	28%	Verrucomicrobiales	28%	Verrucomicrobiaceae	28%	Verrucomicrobium	26%
MA09-P01-F05	Proteobacteria	41%	Alphaproteobacteria	23%	Rhodospirillales	13%	Rhodospirillaceae	9%	Tistrella	8%
MA09-P01-F06	Acidobacteria	43%	Acidobacteria	43%	Acidobacteriales	43%	Acidobacteriaceae	43%	Acidobacterium	43%
MA09-P01-F07	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	100%	Xanthomonadales	100%	Xanthomonadaceae	100%	Stenotrophomonas	91%
MA09-P01-F08	Acidobacteria	40%	Acidobacteria	40%	Acidobacteriales	40%	Acidobacteriaceae	40%	Acidobacterium	40%
MA09-P01-F10	Proteobacteria	99%	Alphaproteobacteria	99%	Rhizobiales	98%	Hyphomicrobiaceae	50%	Rhodoplanes	48%
MA09-P01-F11	Acidobacteria	28%	Acidobacteria	28%	Acidobacteriales	28%	Acidobacteriaceae	28%	Acidobacterium	28%
MA09-P01-F12	Proteobacteria	49%	Alphaproteobacteria	26%	Rhodospirillales	14%	Rhodospirillaceae	12%	Tistrella	12%
MA09-P01-G02	Acidobacteria	77%	Acidobacteria	77%	Acidobacteriales	77%	Acidobacteriaceae	77%	Acidobacterium	77%
MA09-P01-G03	Proteobacteria	100%	Alphaproteobacteria	100%	Rhizobiales	100%	Methylocystaceae	45%	Methylosinus	29%
MA09-P01-G04	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	99%	Oxalobacteraceae	94%	Janthinobacterium	60%

conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA09-P01-G06	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Burkholderia	100%
MA09-P01-G07	Proteobacteria	39% Alphaproteobacteria	22% Rhodospirillales	14% Rhodospirillaceae	12% Tistrella	11%
MA09-P01-G08	Proteobacteria	32% Betaproteobacteria	10% Neisseriales	7% Neisseriaceae	7% Chromobacterium	7%
MA09-P01-G09	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	22% Rhodospirillales	16% Rhodospirillaceae	12% Tistrella	10%
MA09-P01-G10	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA09-P01-G11	Acidobacteria	68% Acidobacteria	68% Acidobacteriales	68% Acidobacteriaceae	68% Acidobacterium	68%
MA09-P01-G12	Proteobacteria	23% Gammaproteobacteria	8% Xanthomonadales	6% Xanthomonadaceae	6% Thermomonas	3%
MA09-P01-H02	Incertae Sedis OP10	34% OP10	34%			
MA09-P01-H03	Proteobacteria	42% Alphaproteobacteria	20% Rhodospirillales	12% Rhodospirillaceae	10% Tistrella	5%
MA09-P01-H04	Gemmatimonadetes	37% Gemmatimonadetes	37% Gemmatimonadales	37% Gemmatimonadales	37% Gemmatimonas	37%
MA09-P01-H05	Proteobacteria	32% Alphaproteobacteria	16% Rhodospirillales	10% Acetobacteraceae	9% Craurococcus	6%
MA09-P01-H06	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	97% Burkholderiales	79% Oxalobacteraceae	38% Massilia	27%
MA09-P01-H07	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	93% Rhodoplanes	92%
MA09-P01-H08	Acidobacteria	93% Acidobacteria	93% Acidobacteriales	93% Acidobacteriaceae	93% Acidobacterium	93%
MA09-P01-H09	Acidobacteria	97% Acidobacteria	97% Acidobacteriales	97% Acidobacteriaceae	97% Acidobacterium	97%
MA09-P01-H10	Proteobacteria	36% Alphaproteobacteria	19% Sphingomonadales	10% Sphingomonadaceae	10% Sandaracinobacter	9%
MA09-P01-H11	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	99% Xanthomonadales	98% Xanthomonadaceae	98% Rhodanobacter	63%
MA09-P01-H12	Acidobacteria	36% Acidobacteria	36% Acidobacteriales	36% Acidobacteriaceae	36% Acidobacterium	36%

## 10. PLACA MA10-PO1-27F1492R

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA10-P01-A01	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA10-P01-A02	Proteobacteria	74% Deltaproteobacteria	70% Myxococcales	63% Cystobacteraceae	62% Melittangium	44%
MA10-P01-A03	Proteobacteria	57% Deltaproteobacteria	38% Syntrophobacterales	37% Syntrophobacteraceae	37% Desulfovira	23%
MA10-P01-A04	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA10-P01-A05	Proteobacteria	50% Alphaproteobacteria	29% Rhizobiales	12% Methylocystaceae	5% Methylocystis	5%
MA10-P01-A06	Proteobacteria	33% Gammaproteobacteria	11% Enterobacteriales	7% Enterobacteriaceae	7% Alterococcus	7%
MA10-P01-A07	Acidobacteria	97% Acidobacteria	97% Acidobacteriales	97% Acidobacteriaceae	97% Acidobacterium	97%
MA10-P01-A08	Proteobacteria	65% Deltaproteobacteria	53% Desulfobacterales	23% Desulfobacteraceae	12% Desulfofaba	6%
MA10-P01-A09	Bacteroidetes	94% Sphingobacteria	94% Sphingobacteriales	94% Crenotrichaceae	94% Chitinophaga	94%
MA10-P01-A10	Proteobacteria	24% Alphaproteobacteria	11% Rhodospirillales	6% Acetobacteraceae	6% Asaia	4%
MA10-P01-A11	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	99% Beijerinckiaceae	36% Beijerinckia	36%
MA10-P01-B01	Proteobacteria	47% Alphaproteobacteria	27% Rhodospirillales	12% Rhodospirillaceae	11% Tistrella	8%
MA10-P01-B02	Proteobacteria	47% Gammaproteobacteria	18% Enterobacteriales	9% Enterobacteriaceae	9% Alterococcus	9%
MA10-P01-B03	Proteobacteria	90% Alphaproteobacteria	65% Rhodospirillales	26% Rhodospirillaceae	13% Tistrella	5%
MA10-P01-B04	Acidobacteria	84% Acidobacteria	84% Acidobacteriales	84% Acidobacteriaceae	84% Acidobacterium	84%
MA10-P01-B05	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	23% Rhodospirillales	22% Acetobacteraceae	13% Roseococcus	10%
MA10-P01-B07	Proteobacteria	33% Deltaproteobacteria	16% Desulfobacterales	8% Desulfobacteraceae	5% Desulfofaba	2%
MA10-P01-B08	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium	96%
MA10-P01-B09	Proteobacteria	79% Alphaproteobacteria	39% Rhodospirillales	31% Rhodospirillaceae	21% Inquilinus	10%
MA10-P01-B10	Firmicutes	45% Clostridia	45% Clostridiales	44% Acidaminococcaceae	24% Dialister	8%
MA10-P01-B11	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium	99%
MA10-P01-B12	Proteobacteria	32% Deltaproteobacteria	13% Desulfobacterales	6% Desulfobacteraceae	5% Desulfofaba	4%
MA10-P01-C01	Proteobacteria	53% Alphaproteobacteria	28% Sphingomonadales	9% Sphingomonadaceae	9% Sandaracinobacter	9%
MA10-P01-C02	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium	96%
MA10-P01-C04	Acidobacteria	97% Acidobacteria	97% Acidobacteriales	97% Acidobacteriaceae	97% Acidobacterium	97%
MA10-P01-C08	Proteobacteria	29% Deltaproteobacteria	19% Syntrophobacterales	18% Syntrophobacteraceae	18% Desulforhabdus	8%
MA10-P01-C09	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA10-P01-C11	Proteobacteria	41% Alphaproteobacteria	19% Rhodospirillales	8% Rhodospirillaceae	4% Tistrella	4%
MA10-P01-C12	Acidobacteria	54% Acidobacteria	54% Acidobacteriales	54% Acidobacteriaceae	54% Acidobacterium	54%
MA10-P01-D01	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	99% Hyphomicrobiaceae	38% Rhodoplanes	21%

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA10-P01-D04	Acidobacteria	95% Acidobacteria	95% Acidobacteriales	95% Acidobacteriaceae	95% Acidobacterium	95%
MA10-P01-D05	Proteobacteria	52% Deltaproteobacteria	20% Syntrophobacteriales	11% Syntrophobacteraceae	11% Desulfacinum	11%
MA10-P01-D06	Acidobacteria	96% Acidobacteria	96% Acidobacteriales	96% Acidobacteriaceae	96% Acidobacterium	96%
MA10-P01-D07	Proteobacteria	89% Alphaproteobacteria	57% Rhodospirillales	34% Rhodospirillaceae	31% Inquilinus	21%
MA10-P01-D08	Proteobacteria	33% Gammaproteobacteria	13% Chromatiales	12% Chromatiaceae	11% Thiorhodococcus	7%
MA10-P01-D09	Acidobacteria	98% Acidobacteria	98% Acidobacteriales	98% Acidobacteriaceae	98% Acidobacterium	98%
MA10-P01-D10	Proteobacteria	51% Alphaproteobacteria	24% Rhodospirillales	18% Acetobacteraceae	10% Teichococcus	7%
MA10-P01-D12	Acidobacteria	56% Acidobacteria	56% Acidobacteriales	56% Acidobacteriaceae	56% Acidobacterium	56%
MA10-P01-E01	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium	99%
MA10-P01-E02	Proteobacteria	39% Gammaproteobacteria	19% Enterobacteriales	15% Enterobacteriaceae	15% Alterococcus	15%
MA10-P01-E07	Proteobacteria	100% Betaproteobacteria	100% Burkholderiales	100% Burkholderiaceae	100% Burkholderia	100%
MA10-P01-E12	Proteobacteria	78% Gammaproteobacteria	46% Xanthomonadales	44% Xanthomonadaceae	44% Thermomonas	40%
MA10-P01-F01	Proteobacteria	81% Alphaproteobacteria	58% Rhodobacterales	29% Rhodobacteraceae	29% Roseovarius	26%
MA10-P01-F03	Proteobacteria	32% Deltaproteobacteria	20% Desulfuromonales	7% Desulfuromonaceae	7% Malonomonas	7%
MA10-P01-F04	Proteobacteria	46% Alphaproteobacteria	20% Sphingomonadales	10% Sphingomonadaceae	10% Sandaracinobacter	10%
MA10-P01-F05	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	98% Bradyrhizobiaceae	30% Bosea	21%
MA10-P01-F06	Proteobacteria	42% Deltaproteobacteria	21% Desulfuromonales	8% Desulfuromonaceae	8% Malonomonas	8%
MA10-P01-F09	Acidobacteria	99% Acidobacteria	99% Acidobacteriales	99% Acidobacteriaceae	99% Acidobacterium	99%
MA10-P01-F10	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Caulobacteriales	100% Caulobacteraceae	100% Caulobacter	93%
MA10-P01-F11	Proteobacteria	49% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	13% Rhodospirillaceae	8% Tistrella	8%
MA10-P01-F12	Actinobacteria	57% Actinobacteria	57% Actinomycetales	45% Nocardioseae	19% Streptomonospora	19%
MA10-P01-G02	Proteobacteria	80% Gammaproteobacteria	40% Xanthomonadales	34% Xanthomonadaceae	34% Thermomonas	29%
MA10-P01-G04	Proteobacteria	97% Gammaproteobacteria	78% Oceanospirillales	69% Hahellaceae	40% Zooshikella	40%
MA10-P01-G05	Proteobacteria	41% Deltaproteobacteria	32% Syntrophobacteriales	30% Syntrophobacteraceae	30% Desulforhabdus	18%
MA10-P01-G06	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	99% Rhizobiales	99% Hyphomicrobiaceae	96% Rhodoplanes	80%
MA10-P01-G08	Actinobacteria	39% Actinobacteria	39% Actinomycetales	27% Cellulomonadaceae	10% Tropheryma	10%
MA10-P01-G09	Proteobacteria	30% Deltaproteobacteria	14% Desulfobacteriales	9% Desulfobacteraceae	9% Desulforegula	6%
MA10-P01-G10	Actinobacteria	83% Actinobacteria	83% Acidimicrobiales	65% Acidimicrobiaceae	65% Acidimicrobium	65%
MA10-P01-G11	Proteobacteria	92% Alphaproteobacteria	56% Rhodospirillales	38% Rhodospirillaceae	28% Inquilinus	20%
MA10-P01-G12	Proteobacteria	45% Alphaproteobacteria	21% Rhodospirillales	10% Rhodospirillaceae	6% Tistrella	4%
MA10-P01-H01	Acidobacteria	100% Acidobacteria	100% Acidobacteriales	100% Acidobacteriaceae	100% Acidobacterium	100%
MA10-P01-H02	Actinobacteria	100% Actinobacteria	100% Actinomycetales	100% Propionibacteriaceae	100% Propionibacterium	100%
MA10-P01-H03	Proteobacteria	37% Alphaproteobacteria	15% Rhodospirillales	8% Rhodospirillaceae	5% Tistrella	3%

							conclusão
CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO		
MA10-P01-H04	Proteobacteria	76% Deltaproteobacteria	67% Syntrophobacterales	50% Syntrophobacteraceae	50% Desulfovira		34%
MA10-P01-H05	Proteobacteria	33% Alphaproteobacteria	9% Parvularculales	4% Parvularculaceae	4% Parvularcula		4%
MA10-P01-H06	Proteobacteria	48% Deltaproteobacteria	36% Syntrophobacterales	34% Syntrophobacteraceae	34% Desulforhabdus		21%
MA10-P01-H07	Acidobacteria	47% Acidobacteria	47% Acidobacteriales	47% Acidobacteriaceae	47% Acidobacterium		47%
MA10-P01-H08	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	97% Rhizobiales	95% Hyphomicrobiaceae	82% Rhodoplanes		82%
MA10-P01-H09	Proteobacteria	43% Alphaproteobacteria	22% Rhodospirillales	8% Rhodospirillaceae	7% Tistrella		6%
MA10-P01-H11	Proteobacteria	48% Deltaproteobacteria	21% Syntrophobacterales	18% Syntrophobacteraceae	18% Desulfacinum		18%

**APÊNDICE 6 - RESULTADO DA COMPARAÇÃO DAS  
SEQUENCIAS PARCIAIS DE 16S rRNA DA  
BIBLIOTECA 27F1492R COM O BANCO DE  
DADOS DO RDP II PELO PROGRAMA  
*SEQUENCE MATCH*.**

## SUMÁRIO

MA01-P01-27F1492R.....	133
MA02-P03-27F1492R.....	136
MA03-P04-27F1492R.....	139
MA04-P01-27F1492R.....	142
MA05-P01-27F1492R.....	145
MA06-P01-27F1492R.....	148
MA07-P01-27F1492R.....	151
MA08-P01-27F1492R.....	154
MA09-P01-27F1492R.....	157
MA10-P01-27F1492R.....	160

# 1. PLACA MA01-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA01-P01-A02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.692	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303
MA01-P01-A03	Proteobacteria-Delta	unclassified_Myxococcales	S000340725	0.390	uncultured bacterium mle1-27 AF280857
MA01-P01-A04	Proteobacteria-Beta	unclassified_Oxalobacteraceae	S000497324	0.521	Janthinobacterium sp. IC161 AB196254
MA01-P01-A05	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000493173	0.728	uncultured Gemmatimonadetes bacterium AKYG583 AY921939
MA01-P01-A06	Proteobacteria-Alfa	Inquilinus	S000372358	0.557	mucus bacterium 66 AY654804
MA01-P01-A07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.799	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA01-P01-A08	Candidate SPAM	-	S000356471	0.807	uncultured candidate division SPAM bacterium P2-8G AY192282
MA01-P01-A09	unclassified_Bacteria	-	S000348495	0.726	uncultured bacterium N11.112WL AF432700
MA01-P01-A10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	0.974	bacterium Ellin610 DQ075274
MA01-P01-A11	Proteobacteria-Alfa	Methylosinus	S000338793	0.531	Methylosinus sp. LW2 AF150786
MA01-P01-A12	Acidobacteria		S000348210	0.594	uncultured Acidobacteria bacterium C46.37PG AF431483
MA01-P01-B02	unclassified_Bacteria	-	S000599144	0.759	uncultured bacterium Biofilm_956d_c7 DQ058685
MA01-P01-B03	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.801	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA01-P01-B04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557819	0.948	uncultured bacterium EC1008 DQ083246
MA01-P01-B05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000354142	0.837	uncultured alpha proteobacterium NMS8.42WL AY043766
MA01-P01-B06	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000402868	0.691	uncultured Gemmatimonadetes bacterium WCB192 AY217502
MA01-P01-B07	Acidobacteria	-	S000399905	0.953	uncultured Acidobacteriales bacterium WS070 AY174206
MA01-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA01-P01-C01	Cyanobacteria	unclassified_Family	S000409652	0.535	uncultured bacterium 1790-7 AY425775
MA01-P01-C02	Candidate SPAM	-	S000356471	0.831	uncultured candidate division SPAM bacterium P2-8G AY192282
MA01-P01-C05	Proteobacteria-Alfa	Pedomicrobium	S000491603	0.875	uncultured bacterium 1700a2-32 AY917298
MA01-P01-C06	unclassified_Bacteria	-	S000348625	0.892	uncultured bacterium C48.41PG AF432831
MA01-P01-C08	Acidobacteria	-	S000399905	0.903	uncultured Acidobacteriales bacterium WS070 AY174206
MA01-P01-C09	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000399893	0.773	uncultured Acidobacteriales bacterium WS096 AY174194
MA01-P01-C12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.812	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA01-P01-D01	unclassified_Bacteria	-	S000139340	0.720	uncultured soil bacterium 271-2 AY326529
MA01-P01-D02	unclassified_Bacteria	-	S000140630	0.814	uncultured soil bacterium 26-1 AY326540
MA01-P01-D03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115609	0.842	uncultured bacterium DA038 AJ000986
MA01-P01-D04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000471641	0.792	uncultured bacterium D282110 AJ617858
MA01-P01-D05	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000354119	0.956	uncultured alpha proteobacterium NMW3.202WL AY043743



CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML...	NOME COMPLETO
MA01-P01-D07	Proteobacteria-Delta	unclassified_Syntrophobacteraceae	S000102766	0.709	uncultured delta proteobacterium JG37-AG-133 AJ518801
MA01-P01-D08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.775	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303
MA01-P01-D09	Proteobacteria-Beta	unclassified_Oxalobacteraceae	S000006106	0.733	Paucimonas lemoignei ATCC 17989T AB021375
MA01-P01-D10	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000140303	0.949	uncultured soil bacterium 592-1 AY326597
MA01-P01-D11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490499	0.744	uncultured forest soil bacterium DUNssu180 (-7A) (OTU#119) AY913386
MA01-P01-E01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115609	0.907	uncultured bacterium DA038 AJ000986
MA01-P01-E02	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000490348	0.740	uncultured forest soil bacterium DUNssu014 (+1B) (OTU#134) AY913235
MA01-P01-E03	Acidobacteria	-	S000348185	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium S36.08SM AF431458
MA01-P01-E04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000018180	0.832	uncultured eubacterium WD244 AJ292580
MA01-P01-E05	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000105741	1.000	Burkholderia pyrrocinia R13058 AJ440714
MA01-P01-E07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.805	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-E09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000354227	0.972	uncultured Acidobacteria bacterium SMS9.87WL AY043851
MA01-P01-E10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000347930	0.907	uncultured alpha proteobacterium S51.36PG AF431203
MA01-P01-E11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.841	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-E12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490474	0.610	uncultured forest soil bacterium DUNssu154 (+7B) (OTU#117) AY913361
MA01-P01-F01	Acidobacteria	-	S000354228	0.746	uncultured Acidobacteria bacterium SMS9.90WL AY043852
MA01-P01-F02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.872	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-F03	Proteobacteria-delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000431250	0.623	uncultured bacterium RCP2-54 AF523886
MA01-P01-F04	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Acetobacteraceae	S000347804	0.820	uncultured alpha proteobacterium C16.03WL AF431077
MA01-P01-F05	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.863	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA01-P01-F06	Proteobacteria-Beta	unclassified_Incertae sedis	S000345619	0.762	uncultured bacterium G06 AF407697
MA01-P01-F07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000403583	0.727	bacterium Ellin5299 AY234650
MA01-P01-F11	Proteobacteria-Alfa		S000378127	0.899	uncultured alpha proteobacterium A02R AY395086
MA01-P01-F10	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000487501	0.982	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA01-P01-F12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Proteobacteria	S000378127	0.958	uncultured alpha proteobacterium A02R AY395086
MA01-P01-G01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000101645	0.650	uncultured Holophaga sp. JG37-AG-116 AJ519388
MA01-P01-G02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000140308	0.907	uncultured soil bacterium 288-2 AY326612
MA01-P01-G03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.907	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-G04	Firmicutes	unclassified_Clostridia	S000421660	0.568	uncultured Termite group 1 bacterium S-J147 AY622271
MA01-P01-G05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000416641	0.587	uncultured bacterium KF/GS-JG36-31 AJ295657
MA01-P01-G07	unclassified_Bacteria	-	S000348502	0.625	uncultured bacterium N12.43WL AF432707
MA01-P01-G08	unclassified_Bacteria	-	S000348502	0.625	uncultured bacterium N12.43WL AF432707
MA01-P01-G09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347822	0.816	uncultured alpha proteobacterium C17.49WL AF431095

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML...	NOME COMPLETO
MA01-P01-G10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Hyphomicrobiaceae	S000358496	0.946	uncultured bacterium OT150 AY387349
MA01-P01-G11	unclassified_Bacteria	-	S000348502	0.771	uncultured bacterium N12.43WL AF432707
MA01-P01-G12	Acidobacteria		S000348247	0.889	uncultured Acidobacteria bacterium N11.121WL AF431520
MA01-P01-H02	Actinobacteria	unclassified_Actinobacteria	S000398400	0.700	uncultured earthworm intestine bacterium ew66 AY154528
MA01-P01-H03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.648	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.900	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA01-P01-H05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000588569	0.720	uncultured soil bacterium RFS-C201 DQ154518
MA01-P01-H06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.752	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA01-P01-H07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.883	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-H08	Proteobacteria-Beta	unclassified_Oxalobacteraceae	S000497324	0.521	Janthinobacterium sp. IC161 AB196254
MA01-P01-H09	Proteobacteria-Delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000603574	0.490	uncultured Desulfovibrio sp. U3B4 DQ173877
MA01-P01-H10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.897	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA01-P01-H11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Incertae sedis	S000345619	0.807	uncultured bacterium G06 AF407697
MA01-P01-H12	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000338437	0.763	uncultured beta proteobacterium CRO-FL25 AF141600

## 2. PLACA MA02-P03-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA02-P03-A01	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000396245	0.900	Burkholderia sp. DV25 AY117589
MA02-P03-A02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490361	0.682	uncultured forest soil bacterium DUNssu029 (+2C) (OTU#110) AY913248
MA02-P03-A03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347822	0.823	uncultured alpha proteobacterium C17.49WL AF431095
MA02-P03-A05	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000327070	0.934	uncultured bacterium MNB-Ms-59 AY309193
MA02-P03-A06	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000564129	0.796	uncultured beta proteobacterium HAUd-MB8 AB113597
MA02-P03-A07	Actinobacteria	unclassified_Microbacteriaceae	S000270820	0.423	uncultured actinobacterium S13 AJ575514
MA02-P03-A08	Acidobacteria	unclassified_organism	S000348208	0.893	uncultured Acidobacteria bacterium C46.15PG AF431481
MA02-P03-A09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329126	0.888	uncultured Acidobacteria bacterium EB1102 AY395421
MA02-P03-A10	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.621	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA02-P03-A11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000564129	0.816	uncultured beta proteobacterium HAUd-MB8 AB113597
MA02-P03-A12	unclassified_Bacteria	-	S000492212	0.612	uncultured bacterium 1979a-05 AY917907
MA02-P03-B02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347920	0.698	uncultured alpha proteobacterium C47.31PG AF431193
MA02-P03-B03	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.550	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA02-P03-B04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.718	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA02-P03-B05	Proteobacteria-Gama	Rickettsiella	S000127908	0.571	uncultured gamma proteobacterium Blfciii1 AJ318123
MA02-P03-B08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000431407	0.955	bacterium K-5b2 AF524860
MA02-P03-B10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000505397	0.600	uncultured bacterium DUNssu404 (-1A) (OTU#148) AY724020
MA02-P03-B11	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000327067	0.857	uncultured bacterium MNT-Ms-63 AY309190
MA02-P03-B12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000492173	0.755	uncultured bacterium 1974a-45 AY917868
MA02-P03-C01	Acidobacteria	unclassified_organism	S000141400	0.822	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA02-P03-C02	Proteobacteria-Gama	unclassified_Xanthomonadaceae	S000326991	0.975	uncultured bacterium MNM-Mc-14 AY309114
MA02-P03-C03	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000141749	0.973	uncultured alpha proteobacterium JG30-KF-A15 AJ536855
MA02-P03-C04	unclassified_Bacteria	-	S000140950	0.711	uncultured soil bacterium 244-2 AY326551
MA02-P03-C05	Firmicutes	Bacillus	S000586356	0.469	uncultured bacterium AKIW703 DQ129423
MA02-P03-C06	Proteobacteria-Alfa	Azospirillum	S000127672	0.642	Azospirillum amazonense (T) Z29616
MA02-P03-C07	Proteobacteria-Alfa	Azospirillum	S000127672	0.641	Azospirillum amazonense (T) Z29616
MA02-P03-C08	unclassified_Bacteria	-	S000491827	0.740	uncultured bacterium 1790c-28 AY917522
MA02-P03-C09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140012	0.743	uncultured soil bacterium 55-2 AY326547
MA02-P03-C10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490406	0.896	uncultured forest soil bacterium DUNssu070 (-6A) (OTU#105) AY913293
MA02-P03-C11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557819	0.948	uncultured bacterium EC1008 DQ083246

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML...	NOME COMPLETO
MA02-P03-C12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000491795	0.737	uncultured bacterium 1790b-24 AY917490
MA02-P03-D01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.785	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA02-P03-D02	Proteobacteria-Alfa	Methylocystis	S000431309	0.875	uncultured bacterium FW96 AF523945
MA02-P03-D03	Proteobacteria-Beta	unclassified_Incertae sedis	S000345619	0.815	uncultured bacterium G06 AF407697
MA02-P03-D05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.716	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA02-P03-D06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490499	0.856	uncultured forest soil bacterium DUNssu180 (-7A) (OTU#119) AY913386
MA02-P03-D07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000018180	0.882	uncultured eubacterium WD244 AJ292580
MA02-P03-D08	Proteobacteria-Gama	unclassified_Xanthomonadaceae	S000326991	0.864	uncultured bacterium MNM-Mc-14 AY309114
MA02-P03-D09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA02-P03-D10	Bacteroidetes	Chitinophaga	S000344665	0.731	Flavobacterium-like sp. oral clone AZ105 AF385548
MA02-P03-D11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.897	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA02-P03-D12	Acidobacteria	unclassified_organism	S000402209	0.846	uncultured Acidobacteria bacterium SL2-1-F11 AY214623
MA02-P03-E03	Acidobacteria	unclassified_Bacteria	S000399908	0.894	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA02-P03-E04	Acidobacteria	unclassified_Bacteria	S000348258	0.872	uncultured Acidobacteria bacterium N42.66PG AF431531
MA02-P03-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.877	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA02-P03-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000471641	0.737	uncultured bacterium D282110 AJ617858
MA02-P03-E07	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.863	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA02-P03-E08	Acidobacteria	unclassified_Bacteria	S000141400	0.856	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA02-P03-E09	Acidobacteria	unclassified_organism	S000139340	0.839	uncultured soil bacterium 271-2 AY326529
MA02-P03-E10	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.588	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA02-P03-E11	Proteobacteria-Delta	unclassified_Syntrophobacteraceae	S000102766	0.644	uncultured delta proteobacterium JG37-AG-133 AJ518801
MA02-P03-E12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490432	0.920	uncultured forest soil bacterium DUNssu096 (+1B) (OTU#102) AY913319
MA02-P03-F02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.755	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA02-P03-F03	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000490544	0.787	uncultured forest soil bacterium DUNssu229 (+3A) (OTU#004) AY913431
MA02-P03-F05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557297	0.921	bacterium Ellin624 DQ075288
MA02-P03-F06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000008845	0.795	unidentified bacterium TM1 X97097
MA02-P03-F08	unclassified_Bacteria		S000587108	0.880	uncultured bacterium CC13 DQ136122
MA02-P03-F09	Acidobacteria	unclassified_organism	S000399898	0.814	uncultured Acidobacteriales bacterium WS044 AY174199
MA02-P03-F11	unclassified_Bacteria	-	S000348490	0.719	uncultured bacterium SMS9.76WL AF432695
MA02-P03-F12	unclassified_Bacteria	-	S000348481	0.762	uncultured bacterium SMS9.14WL AF432686
MA02-P03-G02	unclassified_Bacteria	-	S000348208	0.835	uncultured Acidobacteria bacterium C46.15PG AF431481
MA02-P03-G03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000402350	0.704	uncultured alpha proteobacterium BB-1-E1 AY214764
MA02-P03-G04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.716	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA02-P03-G05	Acidobacteria	unclassified_organism	S000487488	0.835	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA02-P03-G06	Proteobacteria-Delta	unclassified_Myxococcales	S000492773	0.735	uncultured eubacterium AP10 AY921485
MA02-P03-G07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000126805	0.754	uncultured eubacterium WR8124 AJ292775
MA02-P03-G08	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000347811	0.856	uncultured alpha proteobacterium C16.53WL AF431084
MA02-P03-G09	Firmicutes	unclassified_organism	S000394716	0.775	uncultured Moorella sp. 1554 AF467364
MA02-P03-G10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329153	0.745	uncultured Acidobacteria bacterium EB1129 AY395448
MA02-P03-G11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000491795	0.731	uncultured bacterium 1790b-24 AY917490
MA02-P03-H03	Actinobacteria	unclassified_organism	S000048462	0.946	Actinomycetales MC 101 X68469
MA02-P03-H05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000128062	1.000	uncultured eubacterium WR856 AJ292792
MA02-P03-H07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.896	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA02-P03-H08	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000487502	0.878	uncultured candidate division TM6 bacterium
MA02-P03-H09	Actinobacteria	unclassified_Actinobacteria	S000492765	0.740	uncultured eubacterium AP1 AY921477
MA02-P03-H10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115609	0.918	uncultured bacterium DA038 AJ000986
MA02-P03-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000018655	0.772	uncultured eubacterium WD2123 AJ292573
MA02-P03-H12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000425373	0.828	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 46 AY734274

### 3. PLACA MA03-P04-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P04-A01	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Proteobacteria	S000378127	0.868	uncultured alpha proteobacterium A02R AY395086
MA03-P04-A03	Acidobacteria		S000399908	0.922	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA03-P04-A04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557819	1.000	uncultured bacterium EC1008 DQ083246
MA03-P04-A05	Nitrospira	Nitrospira	S000100950	0.610	uncultured Nitrospira sp. JG37-AG-131 AJ519405
MA03-P04-A06	Acidobacteri	unclassified_Acidobacteria	S000493366	0.816	uncultured Acidobacteria bacterium AKYH511 AY922132
MA03-P04-A07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.892	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA03-P04-A08	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000487501	0.946	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA03-P04-A09	Acidobacteria	-	S000348205	0.740	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA03-P04-A10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.822	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA03-P04-A11	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000327067	0.854	uncultured bacterium MNT-Ms-63 AY309190
MA03-P04-A12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA03-P04-B01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA03-P04-B02	Proteobacteria-Delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000103452	0.597	uncultured delta proteobacterium JG37-AG-91 AJ518796
MA03-P04-B04	unclassified_Bacteria		S000468525	0.796	uncultured bacterium 29 AY853672
MA03-P04-B05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.755	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA03-P04-B06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000395328	0.925	bacterium Ellin371 AF498753
MA03-P04-B07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.777	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA03-P04-B09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.955	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA03-P04-B10	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000558983	0.736	uncultured bacterium ga14 DQ093886
MA03-P04-B11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.954	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA03-P04-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348247	0.781	uncultured Acidobacteria bacterium N11.121WL AF431520
MA03-P04-C01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000403661	0.880	Acidobacteriaceae bacterium Ellin6076 AY234728
MA03-P04-C02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000491585	0.747	uncultured bacterium 1700a1-10 AY917280
MA03-P04-C03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348247	0.863	uncultured Acidobacteria bacterium N11.121WL AF431520
MA03-P04-C04	unclassified_Bacteria	-	S000378168	0.955	uncultured bacterium C24R AY395127
MA03-P04-C05	Proteobacteria-Alfa	Bradyrhizobium	S000409644	0.949	uncultured bacterium 1700-7 AY425767
MA03-P04-C07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000378164	0.929	uncultured Acidobacteria bacterium C16R AY395123
MA03-P04-C08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.904	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA03-P04-C12	Acidobacteria		S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA03-P04-D02	Acidobacteria		S000402488	0.824	uncultured Acidobacteria bacterium BAC-P85-B5 AY214902

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P04-D03	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000558983	0.736	uncultured bacterium ga14 DQ093886
MA03-P04-D05	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.948	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA03-P04-D07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143332	0.799	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-146 AJ582043
MA03-P04-D08	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.690	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA03-P04-D10	Acidobacteria		S000399908	0.790	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA03-P04-D11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.900	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA03-P04-D12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000492003	0.737	uncultured bacterium 1959b-39 AY917698
MA03-P04-E03	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.851	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA03-P04-E04	unclassified_Bacteria	-	S000490493	0.881	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA03-P04-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000403408	0.921	bacterium Ellin5058 AY234475
MA03-P04-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490720	0.836	uncultured forest soil bacterium DUNssu467 (-7B) (OTU#106) AY913607
MA03-P04-E07	Proteobacteria-Alfa	Rhodovibrio	S000439334	0.567	Rhodovibrio salinarum NCIMB2243 D14432
MA03-P04-E08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000491795	0.697	uncultured bacterium 1790b-24 AY917490
MA03-P04-E09	Bacteroidetes	Chitibnophaga	S000487492	0.513	uncultured Bacteroidetes bacterium JAB SMS 48 AY694597
MA03-P04-E10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000354215	0.876	uncultured Acidobacteria bacterium NMS8.88WL AY043839
MA03-P04-E12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329153	0.745	uncultured Acidobacteria bacterium EB1129 AY395448
MA03-P04-F02	Acidobacteria		S000378130	0.667	uncultured Acidobacteria bacterium A05R AY395089
MA03-P04-F03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA03-P04-F05	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.884	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA03-P04-F06	Acidobacteria		S000348208	0.827	uncultured Acidobacteria bacterium C46.15PG AF431481
MA03-P04-F07	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.714	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA03-P04-F12	Nitrospira	Nitrospira	S000492977	0.745	uncultured Nitrospirae bacterium AKYG586 AY921743
MA03-P04-G01	unclassified_Bacteria	-	S000588619	1.000	uncultured soil bacterium RFS-C254 DQ154568
MA03-P04-G02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000354215	0.876	uncultured Acidobacteria bacterium NMS8.88WL AY043839
MA03-P04-G03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000378164	0.912	uncultured Acidobacteria bacterium C16R AY395123
MA03-P04-G04	Proteobacteria-Gama	unclassified_Oceanospirillales	S000128527	0.922	uncultured eubacterium WR802 AJ292883
MA03-P04-G05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348156	0.858	uncultured Acidobacteria bacterium S22.04WL AF431429
MA03-P04-G07	Proteobacteria-Delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000139975	0.916	uncultured soil bacterium 293-1 AY326617
MA03-P04-G08	Proteobacteria-Delta	genus Haliangium	S000493026	0.515	uncultured delta proteobacterium AKYG1054 AY921792
MA03-P04-G09	Proteobacteria-Alfa	Afipia	S000467390	0.891	uncultured Bradyrhizobium sp. cloRDL-28 AY834351
MA03-P04-G10	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000347847	0.902	uncultured alpha proteobacterium N26.124SM AF431120
MA03-P04-G11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358522	0.808	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT18 AY387376
MA03-P04-H01	Bacteroidetes	unclassified_Sphingobacteriales	S000565428	0.498	uncultured bacterium UTFS-O04-62-15 AB166777

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P04-H02	Acidobacteria		S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA03-P04-H03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557819	0.970	uncultured bacterium EC1008 DQ083246
MA03-P04-H05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329127	0.907	uncultured Acidobacteria bacterium EB1103 AY395422
MA03-P04-H08	Acidobacteria		S000348247	0.950	uncultured Acidobacteria bacterium N11.121WL AF431520
MA03-P04-H09	Proteobacteria-Alfa	Methylocystis	S000492808	0.902	uncultured eubacterium JU12 AY921520
MA03-P04-H10	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.582	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA03-P04-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490497	0.933	uncultured forest soil bacterium DUNssu178 (-7A) (OTU#067) AY913384



#### 4. PLACA MA04-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA04-P01-A01	Acidobacteria	-	S000487513	0.705	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 102 AY694618
MA04-P01-A02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000138759	0.996	uncultured soil bacterium 466-2 AY326563
MA04-P01-A03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490344	0.814	uncultured forest soil bacterium DUNssu010 (+1B) (OTU#116) AY913231
MA04-P01-A04	Acidobacteria	-	S000141400	0.863	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA04-P01-A05	Proteobacteria-Delta	Desulfofrigus	S000428878	0.405	Desulfofrigus fragile (T) LSv21 AF099065
MA04-P01-A06	Proteobacteria-Delta	Nannocystis	S000385672	0.430	Enhygromyxa salina SHK-1 AB097590
MA04-P01-A07	unclassified_Bacteria	-	S000588619	1.000	uncultured soil bacterium RFS-C254 DQ154568
MA04-P01-A08	unclassified_Bacteria	-	S000490493	0.895	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA04-P01-A09	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.829	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA04-P01-A11	Proteobacteria-Delta	unclassified_Myxococcales	S000353383	0.796	uncultured soil bacterium S119 AY037631
MA04-P01-A12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.928	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA04-P01-B01	Acidobacteria	-	S000425363	0.900	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA04-P01-B02	Proteobacteria-Alfa	Rhodovibrio	S000439334	0.567	Rhodovibrio salinarum NCIMB2243 D14432
MA04-P01-B04	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.839	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA04-P01-B04	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.839	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA04-P01-B05	unclassified_Bacteria	-	S000348625	0.852	uncultured bacterium C48.41PG AF432831
MA04-P01-B06	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.620	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA04-P01-B07	Proteobacteria-Delta	Desulfofrigus	S000428878	0.441	Desulfofrigus fragile (T) LSv21 AF099065
MA04-P01-B09	Acidobacteria	-	S000399898	0.763	uncultured Acidobacteriales bacterium WS044 AY174199
MA04-P01-B11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000345644	0.829	uncultured bacterium B44 AF407722
MA04-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399892	0.873	uncultured Acidobacteriales bacterium WS003 AY174193
MA04-P01-C01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.743	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA04-P01-C02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.928	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA04-P01-C03	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.937	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA04-P01-C04	unclassified_Bacteria	-	S000016885	0.722	Bacteria 32-20 Z95713
MA04-P01-C07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000337119	0.790	grassland soil clone saf1_314 AF078217
MA04-P01-C10	unclassified_Bacteria	-	S000588619	1.000	uncultured soil bacterium RFS-C254 DQ154568
MA04-P01-C11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000140303	0.949	uncultured soil bacterium 592-1 AY326597
MA04-P01-C12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000403583	0.827	bacterium Ellin5299 AY234650
MA04-P01-D02	unclassified_Bacteria	-	S000348496	0.705	uncultured bacterium N11.129WL AF432701

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA04-P01-D03	Acidobacteria	-	S000141400	0.870	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA04-P01-D05	Actinobacteria	unclassified_Actinobacteria	S000344911	0.741	uncultured thermal soil bacterium YNPFFP40 AF391981
MA04-P01-D07	Actinobacteria	unclassified_Pseudonocardiaceae	S000587686	0.473	Actinomycetales bacterium HPA177 DQ144222
MA04-P01-D08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.803	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA04-P01-D09	Actinobacteria	Conexibacter	S000329154	0.483	uncultured Rubrobacteridae bacterium EB1130 AY395449
MA04-P01-D10	Thermotogae	Thermotoga	S000539718	0.386	Thermotoga sp. RQ2 AJ872273
MA04-P01-D12	unclassified_Bacteria	-	S000348625	0.852	uncultured bacterium C48.41PG AF432831
MA04-P01-E01	Acidobacteria	-	S000399905	0.982	uncultured Acidobacteriales bacterium WS070 AY174206
MA04-P01-E02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557317	1.000	bacterium Ellin644 DQ075308
MA04-P01-E03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000047171	0.868	Actinomycetales MC 103 X68465
MA04-P01-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.978	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA04-P01-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.716	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA04-P01-E08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.648	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA04-P01-E09	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.888	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA04-P01-E10	Thermomicrobia	Thermomicrobium	S000585642	0.456	uncultured bacterium AKAU3627 DQ125610
MA04-P01-E12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329155	0.582	uncultured Acidobacteriales bacterium EB1131 AY395450
MA04-P01-F01	Proteobacteria-Delta	Melittangium	S000539284	0.650	Melittangium alboraceum Me b7 AJ233907
MA04-P01-F02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347928	0.669	uncultured alpha proteobacterium S51.29PG AF431201
MA04-P01-F04	Proteobacteria-Beta	unclassified_Incertae sedis	S000345619	0.808	uncultured bacterium G06 AF407697
MA04-P01-F05	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000425376	0.788	cultured Acidobacteria bacterium JAB FS 09 AY734277
MA04-P01-F07	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.806	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA04-P01-F08	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Burkholderiales	S000568828	0.884	uncultured beta proteobacterium N-T-196 AB201573
MA04-P01-F09	unclassified_Bacteria	-	S000329114	0.931	uncultured bacterium EB1090 AY395409
MA04-P01-F10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143332	0.746	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-146 AJ582043
MA04-P01-F11	Acidobacteria		S000399898	0.741	uncultured Acidobacteriales bacterium WS044 AY174199
MA04-P01-G01	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000505403	0.957	uncultured bacterium DUNssu093 (+1B) (OTU#182) AY724026
MA04-P01-G03	unclassified_Bacteria	-	S000490493	0.904	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA04-P01-G04	Bacteroidetes	Chitinophaga	S000353467	0.655	uncultured earthworm cast bacterium C065 AY037715
MA04-P01-G05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000347867	1.000	uncultured alpha proteobacterium C31.02SM AF431140
MA04-P01-G06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000395299	0.673	bacterium Ellin342 AF498724
MA04-P01-G08	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347822	0.823	uncultured alpha proteobacterium C17.49WL AF431095
MA04-P01-G09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.758	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303
MA04-P01-G10	Proteobacteria-Beta	Schlegelella	S000398318	0.728	Schlegelella thermodepolymerans (T) K14 AY152824

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA04-P01-G11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347928	0.669	uncultured alpha proteobacterium S51.29PG AF431201
MA04-P01-G12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.713	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA04-P01-H01	unclassified_Bacteria	-	S000339982	0.615	uncultured bacterium #0319-7F4 AF234144
MA04-P01-H03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000372703	0.789	uncultured bacterium 300A-B12 AY661979
MA04-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000144746	0.975	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-126 AJ582044
MA04-P01-H06	unclassified_Bacteria	-	S000467389	0.510	uncultured bacterium cloRDL-25 AY834350
MA04-P01-H07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000490521	0.761	uncultured forest soil bacterium DUNssu202 (-7B) (OTU#145) AY913408
MA04-P01-H08	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.846	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA04-P01-H09	Proteobacteria-Alfa	Azospirillum	S000127672	0.643	Azospirillum amazonense (T) Z29616
MA04-P01-H10	Acidobacteria a	Acidobacterium	S000395328	0.731	bacterium Ellin371; AF498753
MA04-P01-H11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Caulobacteraceae	S000347915	0.923	uncultured alpha proteobacterium C46.95PG AF431188
MA04-P01-H12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.752	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303

## 5. PLACA MA05-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA05-P01-A01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA05-P01-A02	unclassified_Bacteria	-	S000142268	0.896	uncultured bacterium JG30-KF-A11 AJ536865
MA05-P01-A03	Proteobacteria-Beta	Herbaspirillum	S000471688	0.742	uncultured bacterium cD0269 AJ617905
MA05-P01-A05	Acidobacteria		S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA05-P01-A06	unclassified_Bacteria	-	S000490493	0.881	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA05-P01-A07	Acidobacteria	Holophaga	S000102021	0.719	uncultured Holophaga sp. JG37-AG-40 AJ519370
MA05-P01-A08	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.891	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA05-P01-A09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.914	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA05-P01-A10	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000402868	0.732	uncultured Gemmatimonadetes bacterium WCB192 AY217502
MA05-P01-A11	Proteobacteria-Delta	unclassified_Myxococcales	S000348582	0.676	uncultured bacterium N13.61WL AF432788
MA05-P01-B01	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000487501	1.000	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA05-P01-B02	unclassified_Bacteria	-	S000378168	0.825	uncultured bacterium C24R AY395127
MA05-P01-B03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000378127	0.907	uncultured alpha proteobacterium A02R AY395086
MA05-P01-B04	Proteobacteria-Delta	Chondromyces	S000327056	0.793	uncultured bacterium WIT-Mm-5 AY309179
MA05-P01-B05	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.924	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA05-P01-B06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.914	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA05-P01-B07	Acidobacteria		S000348175	0.812	uncultured Acidobacteria bacterium C31.65SM AF431448
MA05-P01-B08	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.848	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA05-P01-B09	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.737	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA05-P01-B10	Acidobacteria	-	S000425363	0.846	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA05-P01-B11	unclassified_Bacteria	-	S000404156	0.834	uncultured soil bacterium TcA11 AY242666
MA05-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.918	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA05-P01-C01	Proteobacteria-Beta	Janthinobacterium	S000354568	0.716	uncultured bacterium AT425_Eub48 AY053477
MA05-P01-C02	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000493145	0.727	uncultured Gemmatimonadetes bacterium AKYG562 AY921911
MA05-P01-C03	Acidobacteria	-	S000426097	0.980	uncultured Acidobacteria bacterium 27 AY743362
MA05-P01-C04	Proteobacteria-Alfa	Caulobacter	S000347909	0.820	uncultured alpha proteobacterium N42.49PG AF431182
MA05-P01-C05	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000100948	0.757	uncultured actinobacterium JG37-AG-38 AJ519398
MA05-P01-C08	unclassified_Bacteria	-	S000490573	0.724	uncultured forest soil bacterium DUNssu259 (+3C) (OTU#081) AY913460
MA05-P01-C09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000144746	0.844	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-126 AJ582044
MA05-P01-C11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399902	0.884	uncultured Acidobacteriales bacterium WS081 AY174203

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA05-P01-C12	Firmicutes	unclassified_Firmicutes	S000491854	0.879	uncultured bacterium 1894a-17 AY917549
MA05-P01-D01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000403408	0.924	bacterium Ellin5058 AY234475
MA05-P01-D02	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.829	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA05-P01-D03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490720	0.836	uncultured forest soil bacterium DUNssu467 (-7B) (OTU#106) AY913607
MA05-P01-D04	Proteobacteria-Beta	Schlegelella	S000144713	0.838	uncultured beta proteobacterium KCM-C-36 AJ581621
MA05-P01-D05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000354090	0.730	uncultured Acidobacteria bacterium NOS7.146WL AY043714
MA05-P01-D06	Acidobacteria	-	S000333062	0.788	uncultured Acidobacteria bacterium W1C7 AY632470
MA05-P01-D07	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000320446	0.842	uncultured eubacterium AF009987
MA05-P01-D08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.836	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA05-P01-D09	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000329083	0.836	uncultured Gemmatimonadetes bacterium EB1059 AY395378
MA05-P01-D10	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000379905	0.982	Burkholderia sp. hpig15.6 AY691397
MA05-P01-D12	Proteobacteria-Alfa	Hyphomicrobium	S000585548	0.860	uncultured bacterium AKAU3476 DQ125515
MA05-P01-E02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.697	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA05-P01-E03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557870	0.894	uncultured bacterium EC1094 DQ083297
MA05-P01-E04	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000389998	0.841	Burkholderia sp. S2.1 AF247494
MA05-P01-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA05-P01-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.731	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA05-P01-E07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000404136	0.754	uncultured soil bacterium TcA3 AY242646
MA05-P01-E08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA05-P01-E09	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000487501	0.975	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA05-P01-E11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.701	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA05-P01-E12	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000487500	0.801	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 62 AY694605
MA05-P01-F01	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.891	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA05-P01-F02	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.898	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA05-P01-F03	Acidobacteria	-	S000399905	1.000	uncultured Acidobacteriales bacterium WS070 AY174206
MA05-P01-F04	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.927	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA05-P01-F05	Proteobacteria-Delta	Archangium	S000441440	0.828	uncultured delta proteobacterium DELTA3 AY494620
MA05-P01-F06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.631	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA05-P01-F07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA05-P01-F09	Acidobacteria	-	S000378130	0.667	uncultured Acidobacteria bacterium A05R AY395089
MA05-P01-F10	Acidobacteria	-	S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA05-P01-F11	Acidobacteria	-	S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA05-P01-F12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.922	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA05-P01-G01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.940	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA05-P01-G02	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.843	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA05-P01-G03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000018655	0.810	uncultured eubacterium WD2123 AJ292573
MA05-P01-G04	Acidobacteria		S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA05-P01-G06	Proteobacteria-Beta	genus Ralstonia	S000129996	1.000	Ralstonia pickettii E1625 X70348
MA05-P01-G07	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000538565	0.843	uncultured bacterium pLW-86 DQ067027
MA05-P01-G08	Proteobacteria-Delta	Chondromyces	S000327056	0.732	uncultured bacterium WIT-Mm-5 AY309179
MA05-P01-G09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490406	0.948	uncultured forest soil bacterium DUNssu070 (-6A) (OTU#105) AY913293
MA05-P01-G10	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000354119	1.000	uncultured alpha proteobacterium NMW3.202WL AY043743
MA05-P01-G11	unclassified_Bacteria	-	S000491971	0.741	uncultured bacterium 1959a-40 AY917666
MA05-P01-G12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA05-P01-H02	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490498	0.861	uncultured forest soil bacterium DUNssu179 (-7A) (OTU#072) AY913385
MA05-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA05-P01-H05	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.941	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA05-P01-H06	Proteobacteria-Delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000404234	0.851	uncultured soil bacterium Tc119-C02 AY242744
MA05-P01-H07	Thermomicrobia	Thermomicrobium	S000585642	0.505	uncultured bacterium AKAU3627 DQ125610
MA05-P01-H08	unclassified_Bacteria	-	S000588481	0.554	uncultured soil bacterium RFS-C104 DQ154430
MA05-P01-H09	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000493256	0.760	uncultured Acidobacteria bacterium AKYG468 AY922022
MA05-P01-H10	Acidobacteria	-	S000425363	0.815	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA05-P01-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000587099	0.852	uncultured bacterium CC02 DQ136113

## 6. PLACA MA06-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA06-P01-A01	Proteobacteria-Delta	unclassified_Bacteria	S000372741	0.564	uncultured bacterium 300BHJ-F02 AY662017
MA06-P01-A02	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.714	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA06-P01-A04	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA06-P01-A05	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA06-P01-A06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139965	0.865	uncultured soil bacterium 991-1 AY326567
MA06-P01-A07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557861	0.855	uncultured bacterium EC1079 DQ083288
MA06-P01-A10	Actinobacteria	Acidimicrobium	S000490588	0.548	uncultured forest soil bacterium DUNssu275 (-3A) (OTU#188) AY913475
MA06-P01-A11	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA06-P01-A12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Bradyrhizobiaceae	S000378141	0.949	uncultured bacterium B06R AY395100
MA06-P01-B01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.940	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA06-P01-B02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358522	0.932	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT18 AY387376
MA06-P01-B03	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000566085	0.824	uncultured bacterium MIZ12 AB179503
MA06-P01-B04	Proteobacteria-Delta	unclassified_Cystobacteraceae	S000584099	0.696	uncultured delta proteobacterium 437T3 DQ110129
MA06-P01-B05	Acidobacteria	-	S000487483	0.856	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 36 AY694588
MA06-P01-B06	Proteobacteria-Delta	unclassified_Cystobacteraceae	S000584099	0.696	uncultured delta proteobacterium 437T3 DQ110129
MA06-P01-B07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.731	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA06-P01-B08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000349845	0.669	uncultured Acidobacteria bacterium YNPRH2B AF465650
MA06-P01-B09	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.794	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA06-P01-B10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557861	0.830	uncultured bacterium EC1079 DQ083288
MA06-P01-C02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA06-P01-C04	Acidobacteria		S000348250	0.802	uncultured Acidobacteria bacterium N26.101SM AF431523
MA06-P01-C05	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.714	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA06-P01-C06	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.739	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA06-P01-C07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557890	0.936	uncultured bacterium EC1132 DQ083317
MA06-P01-C08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.878	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA06-P01-C09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557299	0.943	bacterium Ellin626 DQ075290
MA06-P01-C10	unclassified_Bacteria	-	S000587104	0.905	uncultured bacterium CC09 DQ136118
MA06-P01-C12	Bacteroidetes	Chitibnophaga	S000487492	0.534	uncultured Bacteroidetes bacterium JAB SMS 48 AY694597
MA06-P01-D01	unclassified_Bacteria		S000468525	0.792	uncultured bacterium 29 AY853672
MA06-P01-D02	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000467395	0.949	uncultured bacterium cloRDL-33 AY834356

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA06-P01-D03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399902	0.891	uncultured Acidobacteriales bacterium WS081 AY174203
MA06-P01-D04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540940	0.774	Acidobacteria bacterium Ellin7185 AY673351
MA06-P01-D05	unclassified_Bacteria	-	S000594896	0.919	uncultured bacterium ALT1 AY703474
MA06-P01-D06	Acidobacteria	-	S000348198	0.678	uncultured Acidobacteria bacterium N42.10PG AF431471
MA06-P01-D08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA06-P01-D09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.744	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA06-P01-D10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.703	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA06-P01-D11	Acidobacteria	-	S000354083	0.911	uncultured Acidobacteria bacterium NOW2.19WL AY043707
MA06-P01-D12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000004808	0.616	unidentified bacterium DA122 Y12598
MA06-P01-E01	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA06-P01-E02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557299	0.943	bacterium Ellin626 DQ075290
MA06-P01-E03	Proteobacteria-Delta	genus Cystobacter	S000539282	0.631	Cystobacter violaceus Cb vi29 AJ233905
MA06-P01-E04	unclassified_Bacteria	-	S000492010	0.603	uncultured bacterium 1959b-46 AY917705
MA06-P01-E05	unclassified_Bacteria	-	S000588619	0.983	uncultured soil bacterium RFS-C254 DQ154568
MA06-P01-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000587099	0.922	uncultured bacterium CC02 DQ136113
MA06-P01-E07	unclassified_Bacteria	-	S000491844	0.832	uncultured bacterium 1790d-13 AY917539
MA06-P01-E08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490411	0.864	uncultured forest soil bacterium DUNssu077 (-6C) (OTU#210) AY913298
MA06-P01-E09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000378233	0.940	uncultured bacterium J06K AY395192
MA06-P01-E10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.947	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA06-P01-E11	Acidobacteria	-	S000141400	0.775	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA06-P01-E12	unclassified_Bacteria	-	S000337303	0.691	grassland soil clone sl2_717 AF078401
MA06-P01-F01	Actinobacteria	Conexibacter	S000398489	0.865	uncultured earthworm cast bacterium c266 AY154617
MA06-P01-F02	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.772	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA06-P01-F03	Acidobacteria	-	S000487490	0.901	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 45 AY694595
MA06-P01-F05	unclassified_Bacteria	-	S000538185	0.675	uncultured freshwater bacterium 965004D07.x1 DQ065372
MA06-P01-F06	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.955	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA06-P01-F07	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.804	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA06-P01-F08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490392	0.924	uncultured forest soil bacterium DUNssu057 (-2C) (OTU#041) AY913279
MA06-P01-F09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358522	0.948	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT18 AY387376
MA06-P01-F10	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000587117	0.936	uncultured bacterium CC24 DQ136131
MA06-P01-F11	Proteobacteria-Delta	unclassified_Burkholderiales	S000346332	0.838	uncultured soil bacterium 646-2 AF423284
MA06-P01-G01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557870	0.858	uncultured bacterium EC1094 DQ083297
MA06-P01-G02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000402357	0.826	uncultured Acidobacteria bacterium BB-1-D1 AY214771



CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA06-P01-G03	unclassified_Bacteria	-	S000492267	0.595	uncultured bacterium 1982a-14 AY917962
MA06-P01-G04	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA06-P01-G05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000395289	0.828	bacterium Ellin332 AF498714
MA06-P01-G07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399909	0.830	uncultured Acidobacteriales bacterium WS085 AY174210
MA06-P01-G08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000587099	0.922	uncultured bacterium CC02 DQ136113
MA06-P01-G09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347879	0.770	uncultured alpha proteobacterium C32.29SM AF431152
MA06-P01-G10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.772	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303
MA06-P01-G12	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.783	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA06-P01-H02	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000588418	0.975	uncultured soil bacterium RFS-C39
MA06-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557861	0.855	uncultured bacterium EC1079 DQ083288
MA06-P01-H05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000490524	0.879	uncultured forest soil bacterium DUNssu206 (-7B) (OTU#145) AY913411
MA06-P01-H06	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000403583	0.819	bacterium Ellin5299 AY234650
MA06-P01-H07	Acidobacteria		S000487490	0.862	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 45 AY694595
MA06-P01-H08	Bacteroidetes	unclassified_Sphingobacteriales	S000493122	0.687	uncultured Bacteroidetes bacterium AKYG1670 AY921888
MA06-P01-H10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557844	0.756	uncultured bacterium EC1047 DQ083271
MA06-P01-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140012	0.750	uncultured soil bacterium 55-2 AY326547
MA06-P01-H12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557844	0.755	uncultured bacterium EC1047 DQ083271

## 7. PLACA MA07-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA07-P01-A01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000017652	0.731	uncultured eubacterium WD298 AJ292590
MA07-P01-A02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000140638	0.735	uncultured soil bacterium 178-2 AY326611
MA07-P01-A03	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000404198	0.869	uncultured soil bacterium Tc131-35 AY242708
MA07-P01-A05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000127139	0.870	uncultured eubacterium LRS29 AJ232853
MA07-P01-A06	Nitrospira	Nitrospira	S000140948	0.758	uncultured soil bacterium 1163-1 AY326514
MA07-P01-A07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-A08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.780	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA07-P01-A09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.959	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA07-P01-A10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.918	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA07-P01-A11	Acidobacteria	-	S000378130	0.771	uncultured Acidobacteria bacterium A05R AY395089
MA07-P01-A12	Acidobacteria	-	S000541001	0.839	Acidobacteria bacterium Ellin7246 AY673412
MA07-P01-B01	Acidobacteria	-	S000141400	0.889	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA07-P01-B02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399909	0.918	uncultured Acidobacteriales bacterium WS085 AY174210
MA07-P01-B03	Proteobacteria-Gama	unclassified_Xanthomonadaceae	S000348070	0.886	uncultured gamma proteobacterium S21.38WL AF431343
MA07-P01-B04	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.884	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA07-P01-B05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000140638	0.734	uncultured soil bacterium 178-2 AY326611
MA07-P01-B06	Actinobacteria	Nocardia	S000275499	0.344	Nocardia inohanensis IFM 0092 AB092560
MA07-P01-B07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.865	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA07-P01-B08	unclassified_Bacteria	-	S000492113	0.724	uncultured bacterium 1973c-37 AY917808
MA07-P01-B09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.981	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA07-P01-B10	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.804	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA07-P01-B11	Proteobacteria-Delta	unclassified_Desulfobacteraceae	S000371507	0.535	uncultured bacterium Urania-1B-29 BC05-1B-29 AY627537
MA07-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557295	0.880	bacterium Ellin622 DQ075286
MA07-P01-C01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139965	0.865	uncultured soil bacterium 991-1 AY326567
MA07-P01-C02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329095	0.731	uncultured Acidobacteria bacterium EB1071 AY395390
MA07-P01-C03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.860	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA07-P01-C04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000262032	0.740	uncultured soil bacterium 199 AY493918
MA07-P01-C05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348197	0.913	uncultured Acidobacteria bacterium N41.134PG AF431470
MA07-P01-C07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557861	0.855	uncultured bacterium EC1079 DQ083288
MA07-P01-C10	Acidobacteria	Holophaga	S000141400	0.889	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA07-P01-C11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000008845	0.753	unidentified bacterium TM1 X97097
MA07-P01-C12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.977	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-D01	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000395289	0.828	bacterium Ellin332 AF498714
MA07-P01-D02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.752	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA07-P01-D04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140012	0.750	uncultured soil bacterium 55-2 AY326547
MA07-P01-D09	Cyanobacteria	unclassified_Noname	S000357698	0.734	uncultured bacterium HOCiCi9 AY328558
MA07-P01-D10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557844	0.755	uncultured bacterium EC1047 DQ083271
MA07-P01-D11	Proteobacteria-Gama	unclassified_Chromatiales	S000262854	0.840	uncultured soil bacterium 1451 AY493938
MA07-P01-D12	Proteobacteria-Gama	unclassified_Chromatiales	S000404208	0.843	uncultured soil bacterium Tc120-B03 AY242718
MA07-P01-E01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000380663	0.829	uncultured actinobacterium JAB FS clone 11 AY707973
MA07-P01-E03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000417263	0.846	uncultured bacterium MSC58 AJ830737
MA07-P01-E04	Acidobacteria	-	S000333060	0.944	uncultured Acidobacteria bacterium W1A7 AY632468
MA07-P01-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.718	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000586572	0.675	uncultured bacterium AKIW799 DQ129639
MA07-P01-E08	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.881	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA07-P01-E09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348184	0.804	uncultured Acidobacteria bacterium S36.06SM AF431457
MA07-P01-E11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-E12	unclassified_Bacteria	-	S000494420	0.806	uncultured bacterium OC22 AY930452
MA07-P01-F02	Verrucomicrobia	unclassified_Verrucomicrobiales	S000588490	0.714	uncultured soil bacterium RFS-C114 DQ154439
MA07-P01-F03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.981	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA07-P01-F06	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Acetobacteraceae	S000041981	0.844	Proteobacteria MC 106 X68471
MA07-P01-F07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.981	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA07-P01-F08	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000320446	0.828	uncultured eubacterium AF009987
MA07-P01-F09	unclassified_Bacteria	-	S000348469	0.809	uncultured bacterium NMS8.35WL AF432674
MA07-P01-F10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000491795	0.732	uncultured bacterium 1790b-24 AY917490
MA07-P01-F11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000491795	0.732	uncultured bacterium 1790b-24 AY917490
MA07-P01-F12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348160	0.951	uncultured Acidobacteria bacterium S22.51WL AF431433
MA07-P01-G02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.731	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA07-P01-G03	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000344945	0.914	uncultured bacterium CBE8 AF392639
MA07-P01-G06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.740	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-G08	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000400420	0.903	uncultured bacterium unel19 AY186797
MA07-P01-G09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-G10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.918	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA07-P01-G11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.860	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA07-P01-H03	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000344945	0.914	uncultured bacterium CBE8 AF392639
MA07-P01-H07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.862	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA07-P01-H08	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000400420	0.903	uncultured bacterium unel19 AY186797
MA07-P01-H09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA07-P01-H10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.918	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA07-P01-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.860	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA07-P01-H12	Acidobacteria	-	S000348205	0.815	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478

# 8. PLACA MA08-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA08-P01-A01	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.746	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA08-P01-A02	Thermomicrobia	Thermomicrobium	S000585642	0.508	uncultured bacterium AKAU3627 DQ125610
MA08-P01-A03	Proteobacteria-Delta	Cystobacter	S000492993	0.720	uncultured delta proteobacterium AKYH1360 AY921759
MA08-P01-A04	Cyanobacteria	unclassified_Noname	S000357736	0.622	uncultured bacterium HOCiCi47 AY328596
MA08-P01-A06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA08-P01-A09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139965	0.909	uncultured soil bacterium 991-1 AY326567
MA08-P01-A11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557890	0.936	uncultured bacterium EC1132 DQ083317
MA08-P01-A12	OP10	-	S000348329	0.652	uncultured candidate division OP10 bacterium N26.144SM AF431602
MA08-P01-B01	unclassified_Bacteria	-	S000490493	0.863	uncultured forest soil bacterium DUNssu173 (-7A) (OTU#090) AY913380
MA08-P01-B02	Proteobacteria-Gama	Rickettsiella	S000408382	0.555	Aquicella lusitana SGT-39 AY359282
MA08-P01-B03	Acidobacteria		S000399908	0.922	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA08-P01-B04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000471641	0.770	uncultured bacterium D282110 AJ617858
MA08-P01-B05	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000404198	0.862	uncultured soil bacterium Tc131-35 AY242708
MA08-P01-B06	unclassified_Bacteria	-	S000588675	0.916	uncultured soil bacterium RFS-C311 DQ154624
MA08-P01-B07	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000399908	0.896	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA08-P01-B09	Proteobacteria-Alfa	Novosphingobium	S000458739	0.847	Novosphingobium pentaromativorans US6-1 AF502400
MA08-P01-B10	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.780	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA08-P01-B12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.947	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA08-P01-C02	Proteobacteria-Delta	unclassified_Myxococcales	S000348626	0.591	uncultured bacterium C49.54PG AF432832
MA08-P01-C03	Acidobacteria	-	S000348185	0.813	uncultured Acidobacteria bacterium S36.08SM AF431458
MA08-P01-C04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.744	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA08-P01-C05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557300	0.962	bacterium Ellin627 DQ075291
MA08-P01-C09	Bacteroidetes	Chitibnophaga	S000487492	0.540	uncultured Bacteroidetes bacterium JAB SMS 48 AY694597
MA08-P01-C10	Bacteroidetes	unclassified_Flexibacteraceae	S000261447	0.607	uncultured soil bacterium 453 AY493953
MA08-P01-C11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000588418	0.975	uncultured soil bacterium RFS-C39 DQ154367
MA08-P01-C12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540940	0.754	Acidobacteria bacterium Ellin7185 AY673351
MA08-P01-D0	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143332	0.852	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-146 AJ582043
MA08-P01-D01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.852	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA08-P01-D02	Bacteroidetes	unclassified_Bacteroidetes	S000320477	0.543	uncultured eubacterium AF010018
MA08-P01-D03	Acidobacteria	-	S000348198	0.678	uncultured Acidobacteria bacterium N42.10PG AF431471

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML...	NOME COMPLETO
MA08-P01-D07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347904	0.947	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA08-P01-D09	unclassified_Bacteria	-	S000588675	0.908	uncultured soil bacterium RFS-C311 DQ154624
MA08-P01-D11	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000333060	0.923	uncultured Acidobacteria bacterium W1A7 AY632468
MA08-P01-D12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Bradyrhizobiaceae	S000378141	0.949	uncultured bacterium B06R AY395100
MA08-P01-E01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540892	0.741	Acidobacteria bacterium Ellin7137 AY673303
MA08-P01-E02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000348140	0.954	uncultured Acidobacteria bacterium N12.40WL AF431413
MA08-P01-E03	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA08-P01-E05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399902	0.884	uncultured Acidobacteriales bacterium WS081 AY174203
MA08-P01-E06	Proteobacteria-Delta	Melittangium	S000539284	0.635	Melittangium alboraceum Me b7 AJ233907
MA08-P01-E07	unclassified_Bacteria	-	S000348205	0.795	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA08-P01-E09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA08-P01-E10	Proteobacteria-Delta	unclassified_Cystobacteraceae	S000584066	0.696	uncultured actinobacterium 436T3 DQ110096
MA08-P01-E11	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.746	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA08-P01-F01	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.815	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA08-P01-F03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000490398	0.828	uncultured forest soil bacterium DUNssu061 (-2C) (OTU#168) AY913285
MA08-P01-F04	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000435566	0.674	uncultured bacterium CCU8 AY221083
MA08-P01-F05	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000354119	0.980	uncultured alpha proteobacterium NMW3.202WL AY043743
MA08-P01-F06	Acidobacteria	-	S000348205	0.827	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA08-P01-F07	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA08-P01-F08	Acidobacteria	-	S000348171	0.752	uncultured Acidobacteria bacterium C31.51SM AF431444
MA08-P01-F09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540940	0.754	Acidobacteria bacterium Ellin7185 AY673351
MA08-P01-F11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.914	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA08-P01-F12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.955	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA08-P01-G01	Proteobacteria-Delta	Chondromyces	S000327056	0.740	uncultured bacterium WIT-Mm-5 AY309179
MA08-P01-G02	Acidobacteria		S000399908	0.837	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA08-P01-G04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557890	0.936	uncultured bacterium EC1132 DQ083317
MA08-P01-G05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490382	0.747	uncultured forest soil bacterium DUNssu049 (-2B) (OTU#140) AY913269
MA08-P01-G06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.744	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA08-P01-G07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.852	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA08-P01-G08	Acidobacteria	-	S000329133	0.872	uncultured Acidobacteria bacterium EB1109 AY395428
MA08-P01-G12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	1.000	bacterium Ellin610 DQ075274
MA08-P01-H02	Proteobacteria-Delta	Stigmatella	S000539327	0.707	Myxococcales str. NOCB-4 AJ233950
MA08-P01-H03	unclassified_Bacteria	-	S000348481	0.936	uncultured bacterium SMS9.14WL AF432686

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML...	NOME COMPLETO
MA08-P01-H05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329095	0.767	uncultured Acidobacteria bacterium EB1071 AY395390
MA08-P01-H06	unclassified_Bacteria	-	S000348516	0.763	uncultured bacterium S21.30WL AF432721
MA08-P01-H07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.855	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA08-P01-H10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143332	0.486	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-146 AJ582043
MA08-P01-H11	Acidobacteria	-	S000329133	0.875	uncultured Acidobacteria bacterium EB1109 AY395428
MA08-P01-H12	Proteobacteria-Delta	unclassified_Cystobacteraceae	S000584099	0.696	uncultured delta proteobacterium 437T3 DQ110129

## 9. PLACA MA09-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA09-P01-A02	Thermomicrobia	Thermomicrobium	S000585642	0.508	uncultured bacterium AKAU3627 DQ125610
MA09-P01-A03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000417250	0.973	uncultured bacterium MCS2/16 AJ830724
MA09-P01-A04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.694	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-A05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.668	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-A07	Acidobacteria		S000141400	0.863	uncultured Holophaga sp. JG30-KF-C5 AJ536863
MA09-P01-A08	Acidobacteria		S000399908	0.896	uncultured Acidobacteriales bacterium WS108 AY174209
MA09-P01-A09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Methylocystaceae	S000409643	0.906	uncultured bacterium 1700-6 AY425766
MA09-P01-A10	Proteobacteria-Delta	Chondromyces	S000327056	0.742	uncultured bacterium WIT-Mm-5 AY309179
MA09-P01-A11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000345812	0.942	uncultured bacterium P3OB-57 AF414583
MA09-P01-A12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.708	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-B01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000395328	0.750	bacterium Ellin371 AF498753
MA09-P01-B02	unclassified_Bacteria	-	S000046647	0.844	uncultured bacterium Riz1017 AJ244321
MA09-P01-B03	unclassified_Bacteria	-	S000490608	0.819	uncultured forest soil bacterium DUNssu295 (-3C) (OTU#071) AY913495
MA09-P01-B05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329153	0.761	uncultured Acidobacteria bacterium EB1129 AY395448
MA09-P01-B06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557303	0.916	bacterium Ellin630 DQ075294
MA09-P01-B09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Hyphomicrobiaceae	S000343233	0.973	uncultured bacterium BM89MF5BH8 AF365535
MA09-P01-B11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.762	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-B12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000404137	0.771	uncultured soil bacterium Tc129-14 AY242647
MA09-P01-C01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000538532	0.742	uncultured bacterium pLW-64 DQ066994
MA09-P01-C02	unclassified_Bacteria	-	S000491771	0.808	uncultured bacterium 1700b-41 AY917466
MA09-P01-C03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329095	0.720	uncultured Acidobacteria bacterium EB1071 AY395390
MA09-P01-C04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.727	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-C06	Bacteroidetes	Chitinophaga	S000487492	0.561	uncultured Bacteroidetes bacterium JAB SMS 48 AY694597
MA09-P01-C07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000417250	1.000	uncultured bacterium MCS2/16 AJ830724
MA09-P01-C08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557297	0.848	bacterium Ellin624 DQ075288
MA09-P01-C10	Bacteroidetes	unclassified_Sphingobacteriales	S000348519	0.684	uncultured bacterium S21.48WL AF432724
MA09-P01-C11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA09-P01-C12	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.898	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-D01	Proteobacteria-Gama	unclassified_Bacteria	S000587117	0.961	uncultured bacterium CC24 DQ136131
MA09-P01-D02	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.794	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877



CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA09-P01-D04	unclassified_Bacteria	-	S000139048	0.732	uncultured soil bacterium 958-2 AY326554
MA09-P01-D05	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.972	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA09-P01-D06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358522	0.619	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT18 AY387376
MA09-P01-D08	Acidobacteria	-	S000540943	0.826	Acidobacteria bacterium Ellin7188 AY673354
MA09-P01-D09	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000388816	1.000	2,4-D-degrading bacterium TFD2 AF184927
MA09-P01-D10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Bacteria	S000347904	0.920	uncultured alpha proteobacterium N42.26PG AF431177
MA09-P01-D11	unclassified_Bacteria	-	S000336800	0.706	uncultured eubacterium WCHB1-50 AF050571
MA09-P01-D12	unclassified_Bacteria	-	S000487490	0.922	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 45 AY694595
MA09-P01-E01	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.802	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA09-P01-E02	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000348205	0.765	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA09-P01-E03	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000409640	1.000	uncultured bacterium 1700-3 AY425763
MA09-P01-E04	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.856	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-E05	Proteobacteria-Alfa	Acidisphaera	S000487501	0.975	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 63 AY694606
MA09-P01-E06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.827	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA09-P01-E07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.647	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-E08	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Caulobacteraceae	S000354138	0.866	uncultured alpha proteobacterium NMS8.10WL AY043762
MA09-P01-E09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139965	0.909	uncultured soil bacterium 991-1 AY326567
MA09-P01-E10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.776	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA09-P01-E11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000349850	0.805	uncultured alpha proteobacterium YNPRH85B AF465655
MA09-P01-E12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358522	0.974	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT18 AY387376
MA09-P01-F01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557296	0.918	bacterium Ellin623 DQ075287
MA09-P01-F02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.914	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA09-P01-F03	Acidobacteria	-	S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43
MA09-P01-F05	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.845	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-F06	unclassified_Bacteria	-	S000338969	0.874	Rainforest soil clone HRS-46a AF165270
MA09-P01-F07	Proteobacteria-Gama	Stenotrophomonas	S000003171	0.931	Stenotrophomonas maltophilia LMG 10879 AJ131903
MA09-P01-F08	Acidobacteria	-	S000354200	0.919	uncultured Acidobacteria bacterium NMW3.205WL AY043824
MA09-P01-F10	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000587093	0.879	uncultured bacterium SC26
MA09-P01-F11	Firmicutes	unclassified_Clostridiaceae	S000358473	0.853	uncultured Clostridia bacterium 8F535 AY387326
MA09-P01-F12	Acidobacteria	-	S000425363	0.844	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA09-P01-G02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.835	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA09-P01-G03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000587093	0.875	uncultured bacterium SC26 DQ136107
MA09-P01-G04	Bacteroidetes	Chitinophaga	S000270646	0.797	uncultured Bacteroidetes bacterium NE02 AJ575726

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA09-P01-G06	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000000049	1.000	Burkholderia sp. S-2 AB079372
MA09-P01-G07	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.852	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-G08	Acidobacteria	-	S000338736	0.972	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA09-P01-G09	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.845	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-G10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.922	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA09-P01-G11	Actinobacteria	Actinobacterium	S000487516	0.723	uncultured actinobacterium JAB SMS 114 AY694621
MA09-P01-G12	Acidobacteria	-	S000487488	0.731	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA09-P01-H02	OP10	-	S000348332	0.754	uncultured candidate division OP10 bacterium S36.52SM AF431605
MA09-P01-H03	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.891	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.668	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA09-P01-H05	unclassified_Bacteria	-	S000348625	0.885	uncultured bacterium C48.41PG AF432831
MA09-P01-H06	Proteobacteria-Beta	Janthinobacterium	S000391840	0.589	beta proteobacterium Wuba68 AF336359
MA09-P01-H07	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000347847	0.929	uncultured alpha proteobacterium N26.124SM AF431120
MA09-P01-H08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399909	0.936	uncultured Acidobacteriales bacterium WS085 AY174210
MA09-P01-H09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.978	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA09-P01-H10	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.856	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA09-P01-H11	Proteobacteria-Gama	Rhodanobacter	S000541883	0.916	uncultured gamma proteobacterium G22022 AB011749
MA09-P01-H12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139967	0.875	uncultured soil bacterium 894-1 AY326576

# 10. PLACA MA10-P01-27F1492R

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA10-P01-A01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.955	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA10-P01-A02	Proteobacteria-Delta	Archangium	S000493044	0.700	uncultured delta proteobacterium AKYH432 AY921810
MA10-P01-A03	unclassified_Bacteria	-	S000557887	0.874	uncultured bacterium EC1129 DQ083314
MA10-P01-A04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490406	0.948	uncultured forest soil bacterium DUNssu070 (-6A) (OTU#105) AY913293
MA10-P01-A05	Acidobacteria	-	S000348205	0.795	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA10-P01-A06	Acidobacteria	unclassified_Acidobacteria	S000348205	0.729	uncultured Acidobacteria bacterium N42.65PG AF431478
MA10-P01-A07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557297	0.940	bacterium Ellin624 DQ075288
MA10-P01-A08	unclassified_Bacteria	-	S000348505	0.650	uncultured bacterium N12.55WL AF432710
MA10-P01-A09	Bacteroidetes	Chitinophaga	S000566104	0.876	uncultured bacterium MIZ31 AB179522
MA10-P01-A10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490350	0.803	uncultured forest soil bacterium DUNssu016 (+1B) (OTU#120) AY913237
MA10-P01-A11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000547166	0.767	uncultured Beijerinckiaceae bacterium M13-14 AY338116
MA10-P01-B01	Acidobacteria	-	S000425363	0.876	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA10-P01-B02	unclassified_Bacteria	-	S000139048	0.755	uncultured soil bacterium 958-2 AY326554
MA10-P01-B03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490492	0.810	uncultured forest soil bacterium DUNssu172 (-7A) (OTU#131) AY913379
MA10-P01-B04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000354227	0.799	uncultured Acidobacteria bacterium SMS9.87WL AY043851
MA10-P01-B05	unclassified_Bacteria	-	S000491844	0.743	uncultured bacterium 1790d-13 AY917539
MA10-P01-B07	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.716	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA10-P01-B08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA10-P01-B09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490492	0.771	uncultured forest soil bacterium DUNssu172 (-7A) (OTU#131) AY913379
MA10-P01-B10	unclassified_Bacteria	-	S000046647	0.844	uncultured bacterium Riz1017 AJ244321
MA10-P01-B11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.900	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA10-P01-B12	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000490487	0.716	uncultured forest soil bacterium DUNssu167 (-7A) (OTU#112) AY913374
MA10-P01-C01	Proteobacteria-Beta	unclassified_Bacteria	S000491844	0.781	uncultured bacterium 1790d-13 AY917539
MA10-P01-C02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.867	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA10-P01-C04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140634	0.848	uncultured soil bacterium 81-2 AY326573
MA10-P01-C08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.854	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA10-P01-C09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.873	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA10-P01-C11	unclassified_Bacteria		S000491844	0.791	uncultured bacterium 1790d-13 AY917539
MA10-P01-C12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399902	0.884	uncultured Acidobacteriales bacterium WS081 AY174203
MA10-P01-D01	Proteobacteria-Alfa	Methylosinus	S000410835	0.842	uncultured bacterium 3 AY491554

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA10-P01-D04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000115735	0.955	uncultured bacterium DA054 mark05 xxii Y07575
MA10-P01-D05	Proteobacteria-Delta	Massilia	S000019776	0.739	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA10-P01-D06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA10-P01-D07	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490492	0.761	uncultured forest soil bacterium DUNssu172 (-7A) (OTU#131) AY913379
MA10-P01-D08	unclassified_Bacteria	-	S000046647	0.720	uncultured bacterium Riz1017 AJ244321
MA10-P01-D09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	1.000	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA10-P01-D10	unclassified_Bacteria	-	S000338736	0.794	metal-contaminated soil clone K20-93 AF145877
MA10-P01-D12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399902	0.910	uncultured Acidobacteriales bacterium WS081 AY174203
MA10-P01-E01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557313	0.944	bacterium Ellin640 DQ075304
MA10-P01-E02	unclassified_Bacteria	-	S000143813	0.767	uncultured bacterium NN325-66 AJ580644
MA10-P01-E07	Proteobacteria-Beta	Burkholderia	S000379903	0.979	Burkholderia sp. hpud12.1 AY691395
MA10-P01-E12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000347930	0.738	uncultured alpha proteobacterium S51.36PG AF431203
MA10-P01-F01	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490492	0.785	uncultured forest soil bacterium DUNssu172 (-7A) (OTU#131) AY913379
MA10-P01-F03	unclassified_Bacteria	-	S000140950	0.912	uncultured soil bacterium 244-2 AY326551
MA10-P01-F04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000143121	0.751	uncultured Acidobacteria bacterium JG36-GS-132 AJ582045
MA10-P01-F05	Proteobacteria-Alfa	Methylosinus	S000410835	0.842	uncultured bacterium 3 AY491554
MA10-P01-F06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.749	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA10-P01-F09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000140632	0.874	uncultured soil bacterium 1209-2 AY326560
MA10-P01-F10	Proteobacteria-Alfa	Brevundimonas	S000112621	0.900	Brevundimonas diminuta LMG 2337 AJ227779
MA10-P01-F11	unclassified_Bacteria	-	S000491844	0.806	uncultured bacterium 1790d-13 AY917539
MA10-P01-F12	Actinobacteria	Acidimicrobium	S000431275	0.732	uncultured bacterium RCP1-34 AF523911
MA10-P01-G02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillales	S000347930	0.729	uncultured alpha proteobacterium S51.36PG AF431203
MA10-P01-G04	Proteobacteria-Gama	unclassified_Oceanospirillales	S000128527	0.943	uncultured eubacterium WR802 AJ292883
MA10-P01-G05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.914	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA10-P01-G06	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000354119	0.980	uncultured alpha proteobacterium NMW3.202WL AY043743
MA10-P01-G08	Actinobacteria	unclassified_Actinobacteria	S000040620	0.744	uncultured bacterium ARFS-33 AJ277699
MA10-P01-G09	Acidobacteria	-	S000487488	0.743	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 43 AY694593
MA10-P01-G10	Actinobacteria	Acidimicrobium	S000377218	0.731	uncultured bacterium MB-A2-100 AY093455
MA10-P01-G11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000490492	0.771	uncultured forest soil bacterium DUNssu172 (-7A) (OTU#131) AY913379
MA10-P01-G12	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.919	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553
MA10-P01-H01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000399906	0.966	uncultured Acidobacteriales bacterium WS039 AY174207
MA10-P01-H02	Actinobacteria	Propionibacterium	S000016445	1.000	Propionibacterium acnes LIP4 Y12288
MA10-P01-H03	unclassified_Bacteria	-	S000140013	0.931	uncultured soil bacterium 760-2 AY326553

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA10-P01-H04	unclassified_Bacteria	-	S000538533	0.695	uncultured bacterium pLW-63 DQ066995
MA10-P01-H05	Acidobacteria	Acidobacterium	S000349845	0.720	uncultured Acidobacteria bacterium YNPRH2B AF465650
MA10-P01-H06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.914	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA10-P01-H07	unclassified_Bacteria		S000490608	0.805	uncultured forest soil bacterium DUNssu295 (-3C) (OTU#071) AY913495
MA10-P01-H08	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000587093	0.919	uncultured bacterium SC26 DQ136107
MA10-P01-H09	Acidobacteria	-	S000425363	0.876	uncultured Acidobacteria bacterium JAB FS 93 AY734264
MA10-P01-H11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000540939	0.758	Acidobacteria bacterium Ellin7184 AY673350

**APÊNDICE 7 - RESULTADO DA COMPARAÇÃO DAS  
SEQUENCIAS PARCIAIS DE 16S rRNA DA  
BIBLIOTECA Y1Y3, PLACA MA03-P01, COM  
O BANCO DE DADOS DO RDP II PELO  
PROGRAMA *CLASSIFIER***

# 1. MA03-P01-Y1Y3

continua

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO
MA03-P01-A06	Proteobacteria	98% Gammaproteobacteria	89% Thiotrichales	75% Thiotrichaceae	66% Beggiatoa 60%
MA03-P01-A07	Proteobacteria	99% Betaproteobacteria	93% Burkholderiales	89% Incertae sedis	59% Schlegelella 59%
MA03-P01-A08	Proteobacteria	99% Gammaproteobacteria	65% Chromatiales	27% Chromatiaceae	16% Thiorhodococcus 9%
MA03-P01-A09	Proteobacteria	97% Gammaproteobacteria	79% Oceanospirillales	68% Hahellaceae	62% Zooshikella 62%
MA03-P01-A10	Gemmatimonadetes	97% Gemmatimonadetes	97% Gemmatimonadales	97% Gemmatimonadales	97% Gemmatimonas 97%
MA03-P01-A11	Proteobacteria	96% Alphaproteobacteria	95% Rhodobacterales	48% Rhodobacteraceae	48% Roseovarius 20%
MA03-P01-A12	Proteobacteria	96% Betaproteobacteria	59% Burkholderiales	58% Incertae sedis	30% Schlegelella 29%
MA03-P01-B01	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium 94%
MA03-P01-B02	Nitrospira	94% Nitrospira	94% Nitrospirales	94% Nitrospiraceae	94% Nitrospira 94%
MA03-P01-B03	Acidobacteria	79% Acidobacteria	79% Acidobacteriales	79% Acidobacteriaceae	79% Acidobacterium 79%
MA03-P01-B04	Proteobacteria	37% Alphaproteobacteria	19% Rhizobiales	8% Methylocystaceae	8% Methylocystis 8%
MA03-P01-B06	Proteobacteria	53% Deltaproteobacteria	23% Syntrophobacterales	10% Syntrophobacteraceae	10% Desulfacinum 6%
MA03-P01-B07	Proteobacteria	98% Gammaproteobacteria	78% Oceanospirillales	64% Alcanivoraceae	44% Alcanivorax 44%
MA03-P01-B08	Proteobacteria	88% Alphaproteobacteria	64% Rhodospirillales	57% Acetobacteraceae	44% Roseococcus 27%
MA03-P01-B10	Proteobacteria	49% Deltaproteobacteria	38% Desulfovibrionales	31% Desulfovibrionaceae	31% Lawsonia 19%
MA03-P01-B11	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	100% Pseudomonadales	100% Pseudomonadaceae	100% Pseudomonas 100%
MA03-P01-C01	Proteobacteria	58% Alphaproteobacteria	19% Sphingomonadales	8% Sphingomonadaceae	8% Sandaracinobacter 5%
MA03-P01-C02	Proteobacteria	99% Alphaproteobacteria	98% Rhizobiales	98% Methylocystaceae	38% Methylocystis 37%
MA03-P01-C04	Proteobacteria	98% Gammaproteobacteria	93% Oceanospirillales	87% Alcanivoraceae	72% Alcanivorax 72%
MA03-P01-C06	Proteobacteria	82% Alphaproteobacteria	58% Rhodospirillales	36% Acetobacteraceae	36% Acidisphaera 13%
MA03-P01-C07	Acidobacteria	62% Acidobacteria	62% Acidobacteriales	62% Acidobacteriaceae	62% Acidobacterium 62%
MA03-P01-C08	Proteobacteria	40% Deltaproteobacteria	32% Myxococcales	17% Haliangiaceae	16% Haliangium 16%
MA03-P01-C11	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	100% Pseudomonadales	100% Pseudomonadaceae	100% Pseudomonas 100%
MA03-P01-D03	Proteobacteria	39% Deltaproteobacteria	25% Desulfovibrionales	11% Desulfovibrionaceae	11% Bilophila 11%
MA03-P01-D05	Proteobacteria	41% Gammaproteobacteria	21% Xanthomonadales	9% Xanthomonadaceae	9% Frateuria 9%
MA03-P01-D06	Proteobacteria	98% Gammaproteobacteria	68% Alteromonadales	41% Alteromonadaceae	41% Microbulbifer 41%
MA03-P01-D07	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	100% Pseudomonadales	100% Pseudomonadaceae	100% Pseudomonas 100%
MA03-P01-D08	Acidobacteria	94% Acidobacteria	94% Acidobacteriales	94% Acidobacteriaceae	94% Acidobacterium 94%

continuação

CLONE	FILO		CLASSE		ORDEM		FAMÍLIA		GÊNERO	
MA03-P01-D09	Proteobacteria	98%	Alphaproteobacteria	98%	Caulobacterales	92%	Caulobacteraceae	92%	Phenylbacterium	51%
MA03-P01-D10	Acidobacteria	90%	Acidobacteria	90%	Acidobacteriales	90%	Acidobacteriaceae	90%	Acidobacterium	90%
MA03-P01-D11	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	100%	Burkholderiales	72%	Oxalobacteraceae	25%	Duganella	25%
MA03-P01-D12	Acidobacteria	98%	Acidobacteria	98%	Acidobacteriales	98%	Acidobacteriaceae	98%	Acidobacterium	98%
MA03-P01-E02	Proteobacteria	42%	Alphaproteobacteria	25%	Rhodospirillales	22%	Rhodospirillaceae	21%	Tistrella	18%
MA03-P01-E03	Proteobacteria	55%	Deltaproteobacteria	36%	Syntrophobacterales	15%	Syntrophobacteraceae	13%	Desulfacinum	12%
MA03-P01-E05	Proteobacteria	96%	Alphaproteobacteria	89%	Rhizobiales	83%	Methylocystaceae	49%	Methylocystis	48%
MA03-P01-E06	Proteobacteria	100%	Gammaproteobacteria	81%	Oceanospirillales	67%	Alcanivoraceae	52%	Alcanivorax	52%
MA03-P01-E07	Proteobacteria	61%	Deltaproteobacteria	45%	Syntrophobacterales	43%	Syntrophobacteraceae	43%	Desulfovirga	30%
MA03-P01-E08	Proteobacteria	37%	Deltaproteobacteria	19%	Myxococcales	9%	Polyangiaceae	8%	Polyangium	8%
MA03-P01-E10	Proteobacteria	99%	Betaproteobacteria	79%	Burkholderiales	64%	Comamonadaceae	25%	Polaromonas	18%
MA03-P01-E11	Proteobacteria	44%	Deltaproteobacteria	33%	Syntrophobacterales	26%	Syntrophobacteraceae	26%	Desulfacinum	15%
MA03-P01-E12	Proteobacteria	89%	Alphaproteobacteria	64%	Rhodospirillales	19%	Rhodospirillaceae	17%	Inquilinus	14%
MA03-P01-F01	Proteobacteria	32%	Deltaproteobacteria	12%	Syntrophobacterales	8%	Syntrophobacteraceae	8%	Desulfovirga	4%
MA03-P01-F02	Deinococcus-Thermus	26%	Deinococci	26%	Thermales	26%	Thermaceae	26%	Oceanithermus	12%
MA03-P01-F07	Proteobacteria	62%	Deltaproteobacteria	55%	Syntrophobacterales	48%	Syntrophobacteraceae	48%	Desulforhabdus	25%
MA03-P01-F09	Proteobacteria	39%	Deltaproteobacteria	20%	Syntrophobacterales	14%	Syntrophobacteraceae	13%	Desulfacinum	13%
MA03-P01-F11	Proteobacteria	87%	Deltaproteobacteria	85%	Myxococcales	63%	Cystobacteraceae	61%	Archangium	43%
MA03-P01-F12	Proteobacteria	45%	Deltaproteobacteria	35%	Syntrophobacterales	32%	Syntrophobacteraceae	32%	Desulforhabdus	19%
MA03-P01-G01	Firmicutes	39%	Clostridia	37%	Clostridiales	29%	Peptococcaceae	12%	Pelotomaculum	12%
MA03-P01-G02	Proteobacteria	36%	Deltaproteobacteria	22%	Desulfovibrionales	9%	Desulfovibrionaceae	9%	Bilophila	9%
MA03-P01-G03	Proteobacteria	87%	Alphaproteobacteria	48%	Rhizobiales	21%	Hyphomicrobiaceae	12%	Starkeya	8%
MA03-P01-G06	Proteobacteria	66%	Deltaproteobacteria	54%	Syntrophobacterales	50%	Syntrophobacteraceae	50%	Desulfovirga	33%
MA03-P01-G09	Proteobacteria	70%	Alphaproteobacteria	63%	Rhodospirillales	34%	Rhodospirillaceae	31%	Skermanella	30%
MA03-P01-G11	Acidobacteria	54%	Acidobacteria	54%	Acidobacteriales	54%	Acidobacteriaceae	54%	Acidobacterium	54%
MA03-P01-G12	Firmicutes	43%	Clostridia	41%	Clostridiales	40%	Acidaminococcaceae	17%	Dialister	8%
MA03-P01-H01	Proteobacteria	91%	Betaproteobacteria	45%	Burkholderiales	38%	Incertae sedis	28%	Schlegelella	12%
MA03-P01-H02	Firmicutes	45%	Clostridia	43%	Clostridiales	36%	Acidaminococcaceae	27%	Allisonella	8%
MA03-P01-H03	Proteobacteria	100%	Betaproteobacteria	89%	Burkholderiales	59%	Burkholderiaceae	18%	Ralstonia	6%
MA03-P01-H04	Acidobacteria	70%	Acidobacteria	70%	Acidobacteriales	70%	Acidobacteriaceae	70%	Acidobacterium	70%
MA03-P01-H05	Proteobacteria	96%	Betaproteobacteria	72%	Burkholderiales	67%	Alcaligenaceae	32%	Pigmentiphaga	25%



conclusão

CLONE	FILO	CLASSE	ORDEM	FAMÍLIA	GÊNERO	
MA03-P01-H06	Deinococcus-Thermus	28% Deinococci	28% Thermales	28% Thermaceae	28% Oceanithermus	12%
MA03-P01-H07	Proteobacteria	100% Alphaproteobacteria	100% Rhizobiales	100% Hyphomicrobiaceae	100% Rhodoplanes	100%
MA03-P01-H11	Proteobacteria	100% Gammaproteobacteria	88% Oceanospirillales	78% Alcanivoraceae	59% Alcanivorax	59%

**APÊNDICE 8 - RESULTADO DA COMPARAÇÃO DAS  
SEQUENCIAS PARCIAIS DE 16S rRNA DA  
BIBLIOTECA Y1Y3, PLACA MA03-P01, COM  
O BANCO DE DADOS DO RDP II PELO  
PROGRAMA *SEQUENCE MATCH*.**



# 1. MA03-P01-Y1Y3

continua

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P01-A06	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000487502	0.960	uncultured candidate division TM6 bacterium JAB SMS 76 AY694607
MA03-P01-A07	Proteobacteria-Beta	unclassified_Burkholderiales	S000612388	0.884	uncultured soil bacterium CWT SM01_B03 DQ129038
MA03-P01-A08	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000348092	0.824	uncultured gamma proteobacterium N41.113PG AF431365
MA03-P01-A09	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000611794	0.975	uncultured soil bacterium CWT CU01_G01 DQ128444
MA03-P01-A10	Gemmatimonadetes	Gemmatimonas	S000611907	0.922	uncultured soil bacterium HSB NF51_H04 DQ128557
MA03-P01-A11	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000431690	0.872	uncultured alpha proteobacterium CLi8 AF529343
MA03-P01-A12	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000019749	1.000	uncultured eubacterium WD260 AJ292673
MA03-P01-B01	Acidobacteria	Acidobacterium	S000321404	0.947	uncultured Acidobacterium UA3 AF200699
MA03-P01-B02	Nitrospira	Nitrospira	S000492977	0.772	uncultured Nitrospirae bacterium AKYG586 AY921743
MA03-P01-B03	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.704	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA03-P01-B04	unclassified_Bacteria	-	S000610518	0.833	uncultured bacterium mol17Acido AY775461
MA03-P01-B06	unclassified_Bacteria	-	S000612277	0.875	uncultured soil bacterium HSB OF23_A08 DQ128927
MA03-P01-B07	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000355478	0.665	uncultured yard-trimming-compost bacterium S-67 AY095430
MA03-P01-B08	Proteobacteria-Alfa	Rhodovibrio	S000439334	0.544	Rhodovibrio salinarum NCIMB2243 D14432
MA03-P01-B10	TM6	-	S000354337	0.627	uncultured candidate division TM6 bacterium NMS8.130WL AY043961
MA03-P01-B11	Proteobacteria-Gama	Pseudomonas	S000009557	1.000	Pseudomonas fluorescens bv. C PC24 AF228367
MA03-P01-C01	unclassified_Bacteria	-	S000611792	0.824	uncultured soil bacterium CWT CU01_F05 DQ128442
MA03-P01-C02	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhizobiales	S000491775	0.674	uncultured bacterium 1700b-46 AY917470
MA03-P01-C04	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000355478	0.709	uncultured yard-trimming-compost bacterium S-67 AY095430
MA03-P01-C06	unclassified_Bacteria	-	S000348498	0.872	uncultured bacterium N12.13WL AF432703
MA03-P01-C07	Proteobacteria-Beta	Massilia	S000019776	0.633	uncultured eubacterium WD264 AJ292585
MA03-P01-C08	TM6	-	S000348334	0.819	uncultured candidate division TM6 bacterium C16.46WL AF431607
MA03-P01-C11	Proteobacteria-Gama	Pseudomonas	S000009557	1.000	Pseudomonas fluorescens bv. C PC24 AF228367
MA03-P01-D03	unclassified_Bacteria	-	S000612387	0.813	uncultured soil bacterium CWT SM01_B02 DQ129037
MA03-P01-D05	unclassified_Bacteria	-	S000435554	0.854	uncultured bacterium CCM8a AY221070
MA03-P01-D06	Proteobacteria-Gama	unclassified_Xanthomonadaceae	S000326991	0.939	uncultured bacterium MNM-Mc-14 AY309114
MA03-P01-D07	Proteobacteria-Gama	Pseudomonas	S000003553	0.982	Pseudomonas putida (T) DSM 291T (type strain) Z76667
MA03-P01-D08	Acidobacteria	Acidobacterium	S000557283	0.922	bacterium Ellin610 DQ075274

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P01-D09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Caulobacteraceae	S000354138	0.905	uncultured alpha proteobacterium NMS8.10WL AY043762
MA03-P01-D10	Acidobacteria	Acidobacterium	S000487471	0.985	uncultured Acidobacteria bacterium JAB SMS 16 AY694576
MA03-P01-D11	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000347997	0.895	uncultured beta proteobacterium C32.34SM AF431270
MA03-P01-D12	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490406	0.948	uncultured forest soil bacterium DUNssu070 (-6A) (OTU#105) AY913293
MA03-P01-E02	unclassified_Bacteria	-	S000612581	0.988	uncultured soil bacterium CWT ST03_G05G DQ129231
MA03-P01-E03	Proteobacteria-Delta	unclassified_Syntrophobacteraceae	S000101019	0.603	uncultured delta proteobacterium JG37-AG-90 AJ518795
MA03-P01-E05	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Methylocystaceae	S000493172	0.758	uncultured bacterium AKYG1701 AY921938
MA03-P01-E06	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000355478	0.686	uncultured yard-trimming-compost bacterium S-67 AY095430
MA03-P01-E07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.759	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA03-P01-E08	Proteobacteria-delta	unclassified_Deltaproteobacteria	S000431331	0.615	uncultured bacterium FW136 AF523967
MA03-P01-E10	Proteobacteria-Beta	unclassified_Betaproteobacteria	S000568873	0.895	uncultured bacterium N-T-207 AB201618
MA03-P01-E11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000262280	0.735	uncultured soil bacterium 351 AY493921
MA03-P01-E12	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347906	0.921	uncultured alpha proteobacterium N42.31PG AF431179
MA03-P01-F01	unclassified_Bacteria	-	S000348469	0.783	uncultured bacterium NMS8.35WL AF432674
MA03-P01-F02	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.819	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA03-P01-F07	Acidobacteria	Acidobacterium	S000329095	0.704	uncultured Acidobacteria bacterium EB1071 AY395390
MA03-P01-F09	Acidobacteria	Acidobacterium	S000490484	0.809	uncultured forest soil bacterium DUNssu164 (-7A) (OTU#111) AY913371
MA03-P01-F11	Proteobacteria-Delta	Archangium	S000441440	0.635	uncultured delta proteobacterium DELTA3 AY494620
MA03-P01-F12	unclassified_Bacteria	-	S000611858	0.917	uncultured soil bacterium CWT CU03_E07 DQ128508
MA03-P01-G0	unclassified_Bacteria	-	S000339218	0.549	uncultured sponge symbiont PAUC37f AF186413
MA03-P01-G02	unclassified_Bacteria	-	S000612387	0.815	uncultured soil bacterium CWT SM01_B02 DQ129037
MA03-P01-G03	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Rhodospirillaceae	S000612470	0.900	uncultured soil bacterium CWT SM03_F09 DQ129120
MA03-P01-G06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.744	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA03-P01-G09	Proteobacteria-Alfa	unclassified_Alphaproteobacteria	S000347822	0.626	uncultured alpha proteobacterium C17.49WL AF431095
MA03-P01-G11	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	1.000	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA03-P01-G12	unclassified_Bacteria	-	S000611873	0.927	uncultured soil bacterium CWT CU03_G12 DQ128523
MA03-P01-H01	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000493250	0.598	uncultured gamma proteobacterium AKYG449 AY922016
MA03-P01-H02	unclassified_Bacteria	-	S000612451	0.929	uncultured soil bacterium CWT SM03_A09 DQ129101
MA03-P01-H03	Proteobacteria-Beta	Ralstonia	S000260235	0.746	Ralstonia sp. BKME-6 AJ011503
MA03-P01-H04	Acidobacteria	Acidobacterium	S000358523	0.909	uncultured Fibrobacteres/Acidobacteria group bacterium dT110 AY387377
MA03-P01-H05	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000326978	0.851	uncultured bacterium WIB-Mc-20 AY309101

conclusão

CLONE	FILO	GÊNERO	Nº NO RDP II	SIML..	NOME COMPLETO
MA03-P01-H06	Acidobacteria	Acidobacterium	S000139047	0.744	uncultured soil bacterium 157-2 AY326548
MA03-P01-H07	Proteobacteria-Alfa	Rhodoplanes	S000341705	0.941	uncultured Crater Lake bacterium CL500-26 AF316785
MA03-P01-H11	Proteobacteria-Gama	unclassified_Gammaproteobacteria	S000338376	0.694	uncultured gamma proteobacterium CRE-PA58 AF141532

